

LCR SuperGroup A Nuc-Aln

most-likely	.TGTA.TGTG.TGT...ATG.....T..ATG.....TATTGTATGT...TGTATGTG..TGT.	95
HPV54	T--G.-A--TAT-.....-T-.....-G-G-A---T-...-G---C-C-A-	102
HPV32	0
HPV42	0
HPV3-AC---G-.....G-A.....AC---C-.....	78
HPV28	.C--C.CC--A-A-.....G--.....T--TACA.....AAG--G-...-A-...-T-.....	100
HPV10	..-T.AA-A-.....G-.....T-.....-A-...-C-A-.....	84
HPV29	..-A-T.-A-T.ACC.....-A-.....G-.....T-.....C-.....C-.....	87
HPV61	..-C-...-C-...-T-...-G-.....-GCCT..G--T-.....AC-.....	103
HPV2a	..-C-...-A..A-.....-T-A-.....G-...T-...-G-CT-..-A-	86
HPV27	..-T-.....C...T-A-.....G-T-.....-G-GT-.....T-..-A..C-..	113
HPV57	..-C-...-T-...-G-T-.....-G-...-G-...-G-C-...-T-A-T	100
HPV26	..-A-...-ACAAC-...-TAATGTA.AAGGCG-G-T-...-A-...-A-T-A-	110
HPV51	..-A-...-G-.....C-.....T-T-.....	84
HPV30	..-GA-...-T-T-.....G-...T-...A-...A-G-T-C-.....	89
HPV53	..-G-..-A-AC-...-G-.....T-...C-...T-..	93
HPV56	..-G-..-A-TGC-...T-A-...T-T-A-...-C-T-...A-...G-A-..T-..	95
HPV66	..-G-..-A-...-T-...-A-T-T-.....-AAT-.....C-A-..	92
HPV18	..-T-...-T-...-A..T-.....C-...-A-...G-...-A.TG--T	95
HPV45	..-A-...-T-...G-...-G-ATATT...ACTG-...T-...T-...C-...C-	100
HPV39	..-A-...-T-...-G-...-G-...-A-...T-T-T	97
HPV68ME180	..-T.G-...-T.G-...C-...-A-...-A-	94
HPV70	..-A-...C...T-CACAC-...G-T-...C-A-...T-G-...T-..-A-...T	98
HPV59	..-T-...T-...C...C-...T-...T-...GT-...-A-...-AC-	79
HPV7	..-T-..-A-...-A-...G-...G-T-...G-..A-...-T-A-...T-..	111
HPV40	..CT-...-GAA-...-T-...T-..	98
HPV16C...T-...-AA-...-A..A-.....	90
HPV35h	..-G-...-C-...C-...-T-TGTTGTACATGGCG-G-AA-...-G-A-A.A-A-T	116
HPV31	..-G-...T-...G-...T-..-A-...-G-...-A-...-T-..-A-	98
HPV52	..-G-...-TAC-...G-...T.G-T-...GC.A-...-A-G-A-...-..	131
HPV33	..-T-...-T-...G...T-...T.G-T-...G-...T-T-...T-ACA	96
HPV58	..-T-...T-...T-...G-..A-...-T-A-...T-..	97
HPV6bR	..-AC-...T-A-...-G-...-A-...A-..	94
HPV11	..-T-...-A-...-G-A-...-T-...G-..-A-...-TA-...T	101
HPV44	..-A-...-A-...T-...G-T-...A-...-A-...-A-	83
HPV55	..-A-...-T-...G-A-...T.G-A-...A-...-C-...-A-	85
HPV74	..-T-...-TG-...G-A-...-A-...-G-...-TCC-...G-...C.A-A-T	115
HPV13	..-A-...-A-...C-...G-..A-...-A-...-A-...-A-..	86
HPV34	..-A-G-...-AT-...G-...-TTG-A-...-GT-...A.A-...-A-T-A-T	103
RhPV1R	..-C-...-AT-...T-...-T-...-CC-...-GC-...TCACT	97
most-likely	GTGTA..TGT..A.....TGTA..TGTATGT.....ATGTA...TG....T.AT.GTA	128
HPV54	T-A-G.T--G-.....CTCG..-A-G-.....-A-.....	135
HPV32	0
HPV42	0
HPV3	-CTA-...-G-...-T-G-...-ACG-...-G-...-G	107
HPV28	A--C-...-A-...-G.GT-A-AC-...G--TT-...-T	137
HPV10	A-...-A-...-G.TT-...T-...A-...C-...-	119
HPV29	ACAA-...-A-...-A-...C-TC-...AC-...-	118
HPV61	A-T-...-CT-...-GT.TG-...-GTGTGACCC-...C-...-AC..CC.T-...C	148
HPV2a	A-TA-...C-...-AC-...-AC-...-	113
HPV27	A-...-AC-...-AC-...-	142
HPV57	A--T-...-C-...-CAC-...-CG--CACA--...-C-G--	138
HPV26	A-...-C-...-GT-...-A-G--TT...TCC--T-...-C-	147
HPV51	--G-...-G.T-...-TG-TCC-...-AG..T-...-	122
HPV30	A-AC-...-G-..A-...-C-...-	121
HPV53	A-AC-...-G-..A-...-T-...C-...-	124
HPV56	--T-G-...-AA-...-T.TG--GA..A-...-T-...-G-...G	131
HPV66-AC-...-A-...-A-...-T	124
HPV18	--TGT-...-TG-A-G-TA-...C-A-...-A-...-T-...T	127
HPV45-A-..TG-CC-...G-GCA-...-G-G	136
HPV39	--TA-...A-A-...A-...-A-...CA-T-...T-...C-...-G	128
HPV68ME180	A-...-T-...-C-G-...-T-...-AA-C	126
HPV70	--A-GCT-...C-...CA-...C-...CTG-A-...T-...CC-...GTACA-...T-G	145
HPV59	A--T-...-T-...-C-...-C-...-G-...-T-G	111
HPV7	-A-A-...-T-G.TG-...-A-...-A-...-T-T	148
HPV40	--T-...-T.G-...-TG-CC-...GTACTG-...-	136
HPV16	T-...-TGGTATAATAAACAC-G.TG-A-G-...T-T-A-..A-...C.T-...G	141
HPV35h	--C-..A-...G.T-...CG--GG-...T-...T-...-	152
HPV31	--A-...-C..G-...-G-...-ACT-...-A-...-A-...-	130
HPV52	--C-...-T-...-TG-A-T-...CAG..TTCC-...-T	171
HPV33	A-...-T-...-TG-A-G-TA-...C-...GT-...T-...T-...-G	136
HPV58	--C-A-...T-...-G-...-AC-...TC-...T-...CC-...T-...CA-...T	136
HPV6bR-A-...-G.TC-...G-...-A-G-...-A-...-T	129
HPV11	A-...-T-...-TG-...-T-...-G-...-T	135
HPV44	--TG-...-A-...-TG-C-G-..A-...-G-A-...-C-...-G	117
HPV55	--TG-...-A-...-C-...-G-...-G-...-G-...-G	117
HPV74	--A-G-...-C-...-C-..TG-...-A-...GTT-..GT-...C-...C-...-G	155
HPV13	--CA-...-T-...CT-...-TA-A-A-...-G-...-G-...-G	116
HPV34	--A-TGT-...-GG-...GGTA-...T-...-GC-..A-...-G-G	143
RhPV1R	--T-...-G.T-...-CG-...A-...G-...GT-...C-...C-...T-...	130

LCR SuperGroup A Nuc-Aln

		Poly-A in HPV16R		
		->	<-	
most-likely	T...GTG.TGTA...TG..TAATATATG.TATGTATG.TG..AGTGT...TGTGTG.....			168
HPV54	...-T.-TCC.....-T-----A.-.A-.A-.C-.....-GT--CACC.....			176
HPV32-T.-T-TCC--...-T-.A.....			23
HPV42			0
HPV3	...-A-...-G.-CA--A.A-.C-G--..C.-CA-...A--T-.....			139
HPV28	-G..CC--TGT.....-CC-G-G--..CA--G--...G-C--CCTGC-A---C.....			185
HPV10-G-...-A--A.A.-.T--..C.-CA-...A--T-.....			155
HPV29	...-G-...-A--A.A.-.C-..CA-...A--T-.....			154
HPV61	CC.CT--T.G.....-C-G--GA---G--..T.-CA.C.....			189
HPV2a	...CCC.CTCC...C-...-GA--A.A-C-G--..C.AT-----			153
HPV27	...CCC.CTCC...C-...-GA--A.A-C-G--..C.AT-----			182
HPV57	...-A.-TCCTC.CCA...-GA--A.A-C-G--..C.AT-----			181
HPV26	...AC-T.GT--T.....-A-----A-----TC-TCA...-CA-GTTA.....			192
HPV51	...-T-...-T-...-T-...-A.A-.C-----GT---G....-TGT.....			162
HPV30	...-AA.....-A-----A--AG-C-.T.-C-T-...-AC-----			155
HPV53	...-A.....A...-A-----A--AG--..T.-C-T-T...AC-C--G.....			162
HPV56	-A.TTCAT.....-GAC--...A-----T-A--T-...-TCTGTAATAAAC			187
HPV66	...T-----AC-...-C--G-T...-C-T-T...AC-C--G.....			167
HPV18	G...-A---G...G..C-T--A--A.A.-A-----T.TT--GTT..C-----TTATGTGGTT..			179
HPV45	-TACT--A.CA--ATTGTG-...-T--A--A.A.-.C-AAT-----AGGGTTGC...			194
HPV39	...-AT--C-...CA..CCC-G-GAC...AC.A-...TA.....-T-.....			164
HPV68ME180	...-T.-T-G.....-A-----C-----T-...AC-T--TGGTTG.....			170
HPV70	...-GT.....-G-----T.-CG--C-A..T--G....-A-----			182
HPV59	...-T-T-...CA.....-A-----C--AC...-T-C...A-----GTTGCA.....			158
HPV7	GT..T-...-T-G.....-A.A-A-----T-----			187
HPV40	...T--T-...-C.-G-----CC--C-----TG.....			174
HPV16	-A..AC-A-.T.....-G.-C---CA-CA-AA..A.-ACT-...AT---T.....			179
HPV35h	-G.TT--...-G-CA--..C-C-A..A.-AA-GA.TG-----			196
HPV31	...-TA--G.....-G-----C-----T-..A..A..AA-A--.....			170
HPV52	-T.GT--A-----A-TAC-----T.-C-AA...AC-A-T.....			212
HPV33	-ACTT--T-----G.....-CA-GT-C-----C-...-T-C...C---T--TGTA.....			186
HPV58	...CC--T-C-----AA.-C-A-----			172
HPV6bR	...-T-----G-----A-----G-----T-----C-----TGT.....			168
HPV11	-A.GT--...-A-----T-G--GA---G-A--..TA--T...-T---CA.....			181
HPV44	-G..T--...CA.....-A-CT-...-C-...T-----CC--.....			154
HPV55	...T--A-.T-----A-CT-...-C-...T-----CC--.....			150
HPV74	...-T-...-GT-G---TAC-C---A..T---TT.GT---T-.....			198
HPV13	...-T-----C--A-C-..A-C-----CC--.....			153
HPV34	...-T--A.CA-G.....-G.-G-----A..T-----T-A-----			183
RhPV1R	...-T-----T-----A-----CG-G-C..GCACC...C-A-----			166
most-likely	...TGTATAAC..TACTGTG..TGT..GTTGT...TGTTTTTT..CCTGT			203
HPV54	...CTA-AG-----T..T-----A-----GC..TAC--			212
HPV32	...-GC-----T-----G--GC..A--A--G..TG-A-			59
HPV42	...-A--A--A...A---A-GA.TACA-			26
HPV3	...-A---TTT..-T.AA-T-..T-...AA-...AC-G-----			173
HPV28	...T---C--A.G--TG---A-...AT-...-G-A-...GCA-			221
HPV10	...-A---TTT..-T.AA-T-...AA-...-C-G-----			189
HPV29	...-A---TT-..T..A-A..CA..A-AA-...GC..TGA-			185
HPV61	...-C-T-A-...AAC-----CA-G...-G-G-...G-			223
HPV2a	...-TC..TG...-AC--..AC-...-C-...-G-GCA..AGA-			183
HPV27	...TC..TGT..A-----C-...-G-GCA..GG--			212
HPV57	...-CC..TGT..-G-AC-C-...A.A---CC..CC-C-GCA...			215
HPV26	...CATG-C-..T-...-AC-A..-T-...-CA-T-...-A-CC-			231
HPV51	...TTT-C-G-...-G-AT-T.G-A-...-ACA-GT.ACG-G-G-A-...			203
HPV30	...-GT--CA-...AAC-A.AG-...-CG-...-G-CC.TAG-C			192
HPV53	...T-C---A.C-AG-C-.CG-...-G---CCCTAG-CAG-...GG-			204
HPV56	ATGAATGAGTGCTTTTACGCGTGGT-C---A.C-AG-----C.A-A-...GGC-..TT--			249
HPV66	...T-C---A.C-AG-...CG-...AG-A-...CC--GGGC.AG--			206
HPV18	...GCGCCCTAG-AG---A-----A-..T-...-GT-...-GG-A..TGG--			223
HPV45	...ACCCTTG-AG---A-TAC-A..-T-...G-...-A-G-...G-A-			233
HPV39	...-AC-..TA-...A-AG-..-C-...CAAC...A--CA..TACA-			196
HPV68ME180	...CACCC...G-...ACA..A-...CC-...-A...CA-			204
HPV70	...-T-G-G-...A-----A-----A-G-----T--			213
HPV59	...CCCAA-AG---G.G-----CCC-T-..A---T...-C--G-C-..T-A-			203
HPV7	...GTA...-G-...-T-C-..-T-...-T-AA..AA--AC-...-A-			221
HPV40	...-TA---AGC--A-----G-----G--G-...-A-			208
HPV16	...-CA-C-C-...AAT-...G---A---C-AT-...-A-			215
HPV35h	...-T-----T-...ACAC-...A-----A-GA-...-A-			229
HPV31	...-C-..G-----TG---A-...-G-C-..-T-A-			205
HPV52	...-A--GT-G-..-CT-A--T-A-...-A-...G---GCACC-ACA-			250
HPV33	...TATG-TA-...A-AT-...-AT-...-AAA-...-A-			223
HPV58	...-A-..GTA..A--A-T-...A---T...TG-G-G-A..T--A-			208
HPV6bR	...AA---G-..TA-T-...AA-...-A-G-...G--			201
HPV11	...A-AA-C-..T-..-T-A-...-CC-...-ACAC-...-A-			217
HPV44	...-CC-CCC-..ATGA--A..A-...-A...G---G-GT-T--A-			192
HPV55	...-CC-CCC-..ATGA--A..A-...-AGTAT--G-G-...-A-			188
HPV74	...-CA---ACT-TA-T-T-...G---G-----G-AC-...-A-			234
HPV13	...-CC-CCCT..ATGA--A..A-...-G-A-...-G-GT-..TC-			188
HPV34	...-TC-...T.AA--A-A-..A-...-GAG-...G--			214
RhPV1R	...A-----G-----CC-GC-...AG--..T---			199

most-likely	GTG.T.ATGTAA.T.G.....	215
HPV54	-CT.-AG-AGCC.-.T.....	225
HPV32	A--.-G--TT.CG.....	72
HPV42	A-T.-.----T-.T.....	38
HPV3	-A-.-.A-A-.G.-T.....	186
HPV28	--.A----GG.-TATAA.....	236
HPV10	-A-.-.A----.G.-T.....	202
HPV29	AA...G-A-T-AG.-TATAGGTCAGGGGACCGA.....	215
HPV61	--C.CGG--C-CCCT-TGAGTAAGTGTGT.....	251
HPV2a	T-C-.GCACCC.C.AT.....	196
HPV27	T-C-.GCACCC.-.AT.....	225
HPV57	--T-.GCAC-C.-.-.....	227
HPV26	-A-G-A--GG-.G.-AACCTTAGGTGGTGTCCCTTAT.....	267
HPV51	-G-.AT-AC-T-.ATCCCCGTAGGTCAAGGGTGGTGT.....	239
HPV30	A-T-.G--G.CAATTTAGGTGGCGTCCCTATGTC.....	226
HPV53	-G...C---T-.G.-TGGCGTCCCTGTTTATATACCAAT.....	239
HPV56	T-TG-.A-T-.T-.....	263
HPV66	---C-G-T-.G.-TGGTGT.....	226
HPV18	--T.GCT--TG.G.-C.....	237
HPV45	TGC-.T---C.C.C.....	245
HPV39	AATC-.A-GC.C.C.....	209
HPV68ME180	A-.C--AGG-.CT-CAACATTTCCCTACA.....	230
HPV70	TAA.-A-A--T.GTATGGAGGTTTCATTTTGGTTGCACCTGTGACTAAGGTGTTGTCCTGTTT.....	279
HPV59	TA...C-CA-T-.TACACATGCCCCTACT.....	230
HPV7	TA...A-CTC-C.-TATTTTAAAATGTCTGCTCTGCACACTGC.....	260
HPV40	-GC.A.G--C-.G-.....	221
HPV16	A-A-.AACT-.ATTTG.....	231
HPV35h	-G-.GCACCCA-.A.....	242
HPV31	A-A.CACCC--T.-A-TAACATACTATTACTATTTTATAAACTATTGTTCCCTACTTGTTCCTACTTGTTCCTG.....	276
HPV52	-A-.A-CAAT-.CA-TTGCTCCTAATCTATTGCATCTCCTGCC.....	292
HPV33	T--.-----TG-TATGTATATGGGTGTACCTATATGAGTAAGGAGTTGTATTG.....	276
HPV58	-A-.A-G--GC.-.TCCCTAAATGCCCCTACC.....	239
HPV6bR	T-A-.G-C--.AAACAATTACCTCTTGTACACCC.....	236
HPV11	-AC-.A--TG.-.TTT.....	232
HPV44	--T.-GG-A--TA-AA.....	207
HPV55	--C.-GG---TACAA.....	203
HPV74	AC-.T--C-T.G.-.....	246
HPV13	--.GG---TT.-.....	199
HPV34	T-T.-A--AGCCAAT.....	229
RhPV1r	CA...C--C-TGC.A.....	211
most-likelyTATC...CTATAT...TTTGTA.	231
HPV54-C-T..T-TC-C.C---GT.	243
HPV32-G-G...-ATAT...-AA--.	86
HPV42--TT..G-G-C...-G--T.	55
HPV3A-T...-GGG...CA--CG.	202
HPV28GT---A..TA--A..AC--G.	255
HPV10-G-T...--GG...-CA-G-.	217
HPV29TTTCGGTCTAAAATGGCCGC-G..G-GC-G.G-G--C-.	250
HPV61TTATTGTTGCACGC-.T--T-.G--C-G	279
HPV2aCGC...T-G-G.....	209
HPV27-G--T-G.....	238
HPV57-GG--G-----	240
HPV26AATTATTATATTACACAAGTT--C...T-T--..A---T	304
HPV51TTCGGTGGCGTCCCTATGCCC--C...-AT-T...--C-G	277
HPV30CTCCACCCTTTTGGTGT-GCA...-ACC-C..-G--C-.	261
HPV53CTCCACCCTGTATTATTAATATA-G-A...-G-TA.TCA--C-G	280
HPV56-G-A...-AG-G...AC-A-G.	279
HPV66CCTTAC-G-T..TA-G...-A--.	246
HPV18--A...TAT-G...CC----	253
HPV45--A...T-C-T...CC----	261
HPV39-C...--AGG...G--TT	226
HPV68ME180TAATTTGTAGCCC--C...--AGG...G--TA	260
HPV70	..ACATAAATAGGAGTGTGATTACCAACATTTCCCTACATAATTTTATGCC--C...--AGGTG-G----	347
HPV59ACATAGGTGTGTT-G-TC...-TC--...--C.	260
HPV7AACCGTTTTCGGTCGCGGTTGGCAACTCA...T--C...--C.	300
HPV40CG--...T-G-TC..AG--T.	237
HPV16CTAC---G-T...-G-T...-T.	249
HPV35h-GA...T--C--AA--AC-.	259
HPV31	CTCCTCCAATAGTCATGTACTTATTCTGCCTATAATTTAGGTGTACACGC--A...G--A-A..G-----	343
HPV52CTACCTGTGTCGCCCTCCCTACCCTG-G-...--CT...--TA	334
HPV33CTTGCCCTACCCTGCATGCAATGTACCTACCTTTAT-TC-...-----G	329
HPV58CTGCCCTGCCTATTATGC--AC...--G-.AA-A--T	275
HPV6bRTGTGACTCAGTGGCTGTTGCACGCG...T-T-GG...--C-C	274
HPV11TGC-CG...-GCCG...--G.	249
HPV44-A...TA-C...-A----	222
HPV55-A...A-C...-A----	218
HPV74-T...T---C.T--A--.	263
HPV13-A...C...C----	211
HPV34-G-...TCCAT...--TC	245
RhPV1r-GCACAC-C-A-C...AC---T.	230

LCR SuperGroup A Nuc-Aln

	-> YY-1 binding sites	<- E2 binding site ->	
most-likelyTTCCACTGTTA.TAT.TTTTATA.....TATACATATATTGCA.....	TCCATT
HPV54T---T---G---AA-C-.C.....C--TT---AAC-GA.....	AA--G--
HPV32AAGT-TGA--G-.G--CA-.G.....GT-G-T.G-A-C.....	GA--G--
HPV42AAT-.AAC-.AC-----GT-G-G-G-T.....	-----
HPV3A--G.AT--C.GG-.C-C-A-A.....G.G-CGCC-----	G-.G-G
HPV28CA--TA--T---A---T---.....AT-T--G--A---T.....	GAT-C-G
HPV10GA--G.AT--C.GG-.ACAA.G.....G.G-CGCC--C-----	G-.G-G
HPV29CA-----AA-.--C-.CA-.AT.....T-A--T-CCTGC.....	G.A--G
HPV61C---C-AT--C-.G-.G--CC-TGTGTTTCG.GGTAGCC--TT-G-G-----C.....GA--G--	335
HPV2aGC--C-A--T.C--GCAA.C.....CG.TT-TCGG--G.....	G--G--
HPV27GC--C-A--T.C--GCGA.C.....CG.TT-TCGG--G.....	G--G--
HPV57GC--C--G--.G--ACGA.C.....CG.TT-TCGG--G.....	G--G--
HPV26	T.....TCA-T-AAC--T-.G-AG-G.....TT-T--C-TTT.....	AT--
HPV51CA-A-A--T---A--G-GCTATT.....TAGT-----T-G-.A--T.....	-----
HPV30G-TACT-T-----A--TAT.....ACC.--C-C-G-A-TG.....	-----
HPV53	TTACCTA-A-----ATA--G--AGC-----GG.....TA-CC-T-T--G--TGG.....	CG--T--
HPV56-GT-.TG-G.C--ACA-----C--ACATAC.....	-----
HPV66AA-TA-G-.G--G-----GC-----G-AA--CACCAAAC-----	-----
HPV18-T-.A-----AAAC-G.....C-C--CT-.CA-----	-----
HPV45-T-.A-----A.AC-.G.....C-----C-.CA-----	-----
HPV39AC-A-C-.AA--G-AA--T-CA.....T-G-TG--GCG-TTC.....	A----
HPV68ME180	C.....AG-A-----A-----A-A--GT.....TC-----T--CCAAGT.....	GG-----
HPV70A--T-TG-.AG--A-C-TT.....TA--TT--G-G-GT.....	TA--TG-
HPV59C-GA-----CC.AG-T-GC--T.....GC--AT--A--GC.....	-----
HPV7AG--TGT--T---AACA-G-T.....AAT-G--A--T.....	T--A
HPV40GA-----A.C.-.G.....G.T--A--C.....	-----
HPV16-AT-.A-AC-----A--G-GCGCCA..GCGGCC--TT-G-GC-T-----A--GAAA--GAA	302
HPV35hG-A--C-C-----G-G-----A--T.C-A-C-----	-----
HPV31CA--C-G-C-.CG-----G.....C-----A-GC-A-----	-----
HPV52CA-T--AA-.G.CC-----CT--CC--TGT.....	A-----
HPV33	T.....ACC-A-----T.AG-A-GCT-TACC.....TTT-G-----C-A-TG.....	-----A
HPV58-GT--A--G-A-----GTT.....TT--AG--C--C-----	-----
HPV6bR	GC..GCC--A--ACA--AG-AA-A--C-----GC--A--A--AT.....	T-TTTG-
HPV11-G-CT-CA--T--A-A-----TT-G--A-AT.....	C-T--A
HPV44CAG-CA-----AG-----A-CATA.....TTCC-CC-T-T-GGG-----	A--G--
HPV55CAG-CA-----G-----A-----A-----C--TT-----	AA--A
HPV74-A-CA-T--CC-----ACCCTT..TCCCC-CC-T-T-T-G-----A--G--A--G--	316
HPV13AA--T-AG-G.C-A.CCA--T.....G--ACT-T-----T.....	A--A--
HPV34	A.....T-CG-CA-T-----A-----A.GT--T.C--G.....	A--GC-
RhpV1RGC-AC.--CCT.-.AACAGC-TGCTGCTGCACCTTC--TT-GA-CCCTTC.....A--GC-	285

	E2 binding site	<-	
most-likely	TTCT.....GTT.ACCCTCCATT...TTGT.CTG...CAACCGATTTCGGTTGC.....	314
HPV54	---G.....G-T...G.....	---G-.ACT.AA---T-TG--T..AAGCACTTTGTATCGTACAT	337
HPV32	--A-T.....TT-CA-T-----	--AG.TACATG-----AA-----CGTTGGATAATGTCCAT	190
HPV42	--G-T.....TT--GTA-----	--T-CT.AG-----TATCTGGCCTGTTACCAG	152
HPV3	-G.....AC--A.AA--A...A--ATA.CTG-T-T--A-.C--GACCTGCCTTGTACAGC	-----	295
HPV28	-GAGTAAGAAA-G..GGT-----G.....	--AAG..G-----A--AT-CAAAATGGCCGCCATATG	361
HPV10	-G.....AC--A--A--A...A--ATG.CTG-T-T--A-.C--GACCTGCCTGTCCACGC	-----	309
HPV29	CCG.....C-C--G-A-AG-----G..A-----TTTT--G...T-CACTGTTTATTTTACTG	-----	346
HPV61	---G.....-C-T--G--T-----TG.T--C-.G-----G-----C--CCGCCTTTTGGTTGTG	-----	394
HPV2a	---G.....-C.GG-.G--G-----C-AAC.C--G-TT-A-C-.--TAATTGCTCTCATCCTAAA	-----	303
HPV27	---G.....-C.GG-.G--G-----C-A-C-A--G-TT-A-C-.--TAATTGCTCACATCCATAA	-----	332
HPV57	---G.....-C.GG-.G-TGC-----C-A-C-.AC--TC--A--CT--AATCCTTAAATGTCTTAA	-----	335
HPV26	---G.....A--ACTA--T-----C.....T-----C--TTCCTTATTTTGTATTTT	-----	401
HPV51	--G-TA...CA-C-.G-A.G-----A.G-----CGTGTACTTTTAGTATATT	-----	387
HPV30	--A-GC..ATTG-.G-----AC--TT.....T-CTGGCATGTATGAGTGT	-----	369
HPV53	--G.....G-----C--TG..-----G-----TG-CATATCTTGTAAATAC	-----	393
HPV56	--G-T.....GT--TT-G-----A-ATG.....A-----ATGGCCTAGTGCATTA	-----	381
HPV66	--AG.....T-C-.GTA-G-----A-G-ATG.....A-----CTAGCCTTTTGTCCCTTA	-----	354
HPV18	--A-C.....CTACA-T-----CTG--...CTTTGGCTTATGTCTGT	-----	353
HPV45	--AC.....TTA-A-T-----CTG-----CTGTGGCTTATATGTGA	-----	360
HPV39A-ACCT-G-----GG.....G-----AG-----C-TGGGTGTAGCATTTT	-----	327
HPV68ME180	---G.....G--AG.G-----G--...T-----C-GTGGTCTATTTCTTCT	-----	362
HPV70	A-AC.....AGCA--G.G-----G--...A-----T-----ATTTGGCTTTGTACCAT	-----	451
HPV59	--A-C.....CTT-AA-T-----CTG-----T-----A-CTTGGTTTAACTTACC	-----	366
HPV7	--AACT...ATA-AA-T--T--A--CCA-CCA..T-----T--C-A--CT-GGTTGGCAAGTCCACAT	-----	404
HPV40	---G.....G--T...GC.....C.GA.....C-----C--GGTTGGCACACACATAC	-----	314
HPV16	---G.....G--A--G-T-----G-.AC..A--AT-TG--T...TAAATAGTTCTATGTCAG	-----	357
HPV35h	--G-G...T--AGTG--G-T--ACA--AC--TT.....TTTGGCAAGCTTTATA	-----	363
HPV31	--GAT...TTTA-.G-A.G-----AA.A-CC.CT-----T-----ATTGTTTAAACATGCTA	-----	442
HPV52	--G.....AC-.T-A-----AA.A-CC.T-----A-----GTCTTGGCACAACTTTGG	-----	432
HPV33	--G-A...CAA.TT-----A--C.CT-----T-----A-TTGGCATAACATACCCTA	-----	440
HPV58	--AC.....T-----G-ATG..T-----TGGCACAACCGTGTTTT	-----	379
HPV6bR	--AA.....AA-ACTATA-TT--A-A-T-----T-----CCTTAGCATACACTTTC	-----	382
HPV11	C-A.....--AC--C--CC.....AC.T--T-----T-----CCTTACATACACTTACC	-----	347
HPV44	--G.....GTT...G-G-----T-----TTACTCATTACCCACATC	-----	326
HPV55	--G.....CC.T-----G-G-----T-----TTACTCATCACCACATC	-----	306
HPV74	---GTTA.TTAC-CAT-T---C...A-C---T---A---G...AGCAAGCATTTTATGTA	-----	377
HPV13	---G.....AC.GT-----A...AA.G-----TATTGTTTCTGCGACCG	-----	303
HPV34	---G.....G...T-----AC.TA...T--ATG--T--CTGTTTGTGCTGTTTATGCA	-----	337
RhpV1R	---CC.....T-CAA-----A-GG-CT-.G---G-----C--GCTTGGCACGCATTTT	-----	348

most-likely	314
HPV54	CTAATCTTTGGGCGCGCCACATCCTGCCCTGGTAGTTTTGCCAGCACATCTGCACACCC	398
HPV32	TAAATTTAGCAAAGCAGTGTCTTTTACTGCCAAATATATGTACTGCCAAATGGTATTGCTAAGTAGCAAAA	263
HPV42	GTGCATTTGGCCATGTTTCTAACATTTTGCAAAACCTATTCACTTTTTAAATTTATAAATGCAATATGTGTCTGC	225
HPV3	ATAGTTTGGCTGTGATATTATCTTTTC	323
HPV28	CAGGTGTGTTCCAGGTGTGCTTAATACCAATTAGTCATACAGATCCATATCCTGCAAACCTGCC	425
HPV10	CATTTTTTTGGCTAAGATTGTATAGTTT	337
HPV29	CTGTA	351
HPV61	GCACATGCCACTGTACACATACCACATCCTGTTTTAAACAACTTTATGTG	445
HPV2a	GTGTTATCTGTGCCAGCGACGATGAGTTTGGATTTTGGTTGTT	346
HPV27	GTGTTAGCTGTGCCAGCAACAATGAGTTTGGATTTTGGTT	373
HPV57	TCCTTTCACTTTTTTACTGTGCCAACTAAAATGATTTTGGCTTTTGGAT	383
HPV26	ATCCAACCTTTCATGCTGTATCCTGCAGGAACAGTTAATCCTTTGGCAGACAACACATCCTGCCTCC	467
HPV51	TGCCAAGTTTTAAACCACAACCTGCCAGTTGTTTTGGCATAAACCATCATTTTTTATGACATAGTGCATACA	460
HPV30	TTTTTATATGTACATGCCAAAAGTACATTCAGCAAAAACACTTAATCCACTGGCATGGTGC	429
HPV53	CACAAGCATATTCAGCAGAAGTGTAAATCCTTTGGCATAGTCCGTTTCTCG	445
HPV56	TTTAAACTAAAAGCAATTCGTTGTCATGGCCTAGTGCCATTATTTAAACCAAAAAGGCCCTTTTCAGCAGAACA	454
HPV66	TTTAAACCCAAAACGACTTTTCAGCAAAAACAGTTAATCCTTTGGCATATTGCCGT	409
HPV18	GGTTTTCTGCACAATACAGTACGCTGGCACTATTGCAAACCTTAAATCCTTTGGGCACTGCTCCTACATATTTT	426
HPV45	CCTTTTAAACATAAATACCTAAACTGGCACATTTACAACCCCTACATAGTTTAAACCTACTGGCGCGC	426
HPV39	TAAACTAGTGAAACACCTTTCTCAGCAAAAACATGTCTTACCTTAGGTTACCCCTGCATAGTTGG	395
HPV68ME180	ATACAGTATTTAAAACCTATGTGTTTTCAGCAAAAACATGTTTACCTTGGTTTACCACATAGTTGGC	429
HPV70	CAGTTACCCCTTATAAACCTTTTGTATCAGCAAAAACATGTCTGTAACCTAAGTTCACCTACATACTTGG	521
HPV59	TTTTTGAACAATTAATCTGTTTAAACATCAGCAAAAACAGTTAATCCCATCTTGTTCCTCCTACACGC	435
HPV7	GTTTGTGTCAGCATATTTGCATTGCATGTTTCAAATGCTAGGTCAAAGTTCCTGCCAAA	463
HPV40	ATTTGTGTCAGCAAAATTTTATTGCATGTTACACATTTGTTAGGTCAACATGCCCT	367
HPV16	CAACTATGGTTTTAAACCTGTACGTTTTCTGCTTGGCATGGCTGCCAAATCCCTGTTTTCTGACCTGCACT	428
HPV35h	TGTTTTTTACAAAACATTCTACCTCAGCAGAACACTTAATCCTTGTGTTCTCTGATATATATTGTT	430
HPV31	GTACAACATATGCTGATGCAGTAGTTCTGCGGTTTTTGGTTTTCTGAATACTAGTTTTTGGCAACATTTCTGGCT	515
HPV52	TGTCTCTGGGACAGTAACAACCTATTTTTATATAAGTTTCAGCAAACTGCTTAATCCTTTGGTTTCTCTGC	502
HPV33	TGACATTGGCAGAACAGTTAATCCTTTTCTTTCCTGCAGTGTGTTTGTCTGTACTTGTGTCATTGGCATAACAT	513
HPV58	TTTTAAACTACAATTTAAACAATACAGTTAATCCTTTCCTTTCCTGCA	427
HPV6bR	CACCAATTTGTTTACAACGTTTCTCTTAAATCCTATATATTTTGTGCCAGGTA	436
HPV11	TCAAATTTGTTTATAACGTTTGTACTAATCCCATATGTTGTGTGCC	395
HPV44	CTGTACCCAAATTTGTTTATAGCAAGCAAAAATATTTAATCATCTCTGCCAGAA	377
HPV55	CTGTAACCAATTTGTTTGTAGCAAGCAAAAATATTTAATCCTATATAGTTGCCA	360
HPV74	ATCCTATATACTGTTTGGCAAGGTCACTACTGTGTTGCCAAGTACACA	424
HPV13	ATTTGTTGCAGCACGCTGTTTATATAATCTTACCTACCGCTGCCAAAATATCCACCGCTTG	366
HPV34	CAAAGTTTTAATGTGTTTTGGCTTCTGCAGGCAACTTGGATTGTACTCAAGCACTTAGGATTAACATGCTTC	410
RhPV1R	GGCAAAACAAAACCACAACACTGCTAATCCTCTGGCTTCTGCTCTCCTACTGCTGCA	406
most-likely	314
HPV54	398
HPV32	TGTTTTTACATA.....CATAACATACACG	288
HPV42	CAACTGTTTTATGGCAGTATGTTCTGCCAAGTACTCCCTAATTCCTTTACATAACACACACGCTTTGC	298
HPV3	323
HPV28	425
HPV10	337
HPV29	351
HPV61	445
HPV2a	346
HPV27	373
HPV57	383
HPV26	467
HPV51	TCC.....GCC	467
HPV30	429
HPV53	445
HPV56	GTTA.....ATCCTT	464
HPV66	409
HPV18	GAAC.....AATTG	435
HPV45	426
HPV39	395
HPV68ME180	429
HPV70	521
HPV59	435
HPV7	463
HPV40	367
HPV16	428
HPV35h	430
HPV31	TGTAGTTTCTGCCTA.....ACACACCTTGGCAACAT	548
HPV52	502
HPV33	ACCCTATGAC.....ATTGGCAGAAC	534
HPV58	427
HPV6bR	436
HPV11	395
HPV44	377
HPV55	360
HPV74	424
HPV13	366
HPV34	CTGCTTA.....TGTTTCAT	425
RhPV1R	406

LCR SuperGroup A Nuc-Aln

most-likely	314
HPV54ACACATTTATAACTGTCAGAACAACTTCACCTTCCATTGTGTAACAAACACGCCCTTTGCATT	460
HPV32	CCCTTTTGACAAAGCATGTTTGTAGAAAGGTTGGCATAGCTTTGCATTTACTTATTTCCTTTCCCTTTGTTC	361
HPV42	ACAGGCATGTGCACAAAGGTTGGCAAAGGTTAGCATATCTCTGCAGTTACCCATTTCCCTTTTCCCTTTT	371
HPV3TATAGTTTATTTTATTGCTGCATCATCT	352
HPV28CTGTCTCGCAAGTTTTTGGCTGTGATACTATCTTTCTATAGTTTATTTCATTTGCTGTATCATCT	491
HPV10CTATAGTTTAGTTTATTGCTGTATCATGCT	367
HPV29TCATCT	358
HPV61TTGCACCTGGGTGTGTTTACAGGTTGCTAACACACACAGTTTGAACAATGC	498
HPV2aTAATGCTTTTTCTTTTCAGTTTTTCCCTTTGTTTGTGCCAGGCCGC	391
HPV27GTTTAAAGCTTTTTCTTTTAGTTTTTCCCTTCTCTGTGCCAG	416
HPV57TGTTTTGTCTGCATTAATGCAGTTTTTCTTTTCCAGTGCCAGACCGC	433
HPV26TACGCTTGGCTTGGCATTTTGGCACTATAAGTGGCGCCCTGTATTAGTCACATATATTTAAACAATA	535
HPV51	GCCACGCCTTGTACTTGGCGCGCCTTACCAGCGCTAGTCATACACCTATAGTCATTTGTACTTTAAACAAT	540
HPV30CGTTTCCCTGCATTTATGTTTTTTTTTGTCAACGTAAGACGCCCTTATTAGTCATATAT	491
HPV53TGTTTTAATGTTTTTTTTGTTTTTATACACTATGCCTTACCTATTAGTCACTTACT	498
HPV56	TGGCATATTGCCGTTTTCTGTGTTTTATACTTGAATTATGTACAGTACCGCACCTGTATTACTCACAGGTAC	537
HPV66TTCCTGTTGTATGATTCAGGTATGTACACTGCCTTACCCTGTATTACTCACCTGTA	465
HPV18	GCGCGCCTCTTTGGCGCATATAAGGCGCACCTGGTATTAGTCATTTTCCCTGTCCAGGTGCGCTACAACAATTG	508
HPV45CTTCTTGGCGTACATGTGGCACACCTGGTATTAGTCATTTTCCCTGTCCAGGTGTACTAAAACAATGG	493
HPV39CACTGGTAACAGTTTTTACTGGCGCGCCTTATTACTCATCCTGTCCAGGTGCAGTGCACAACAATCTT	464
HPV68ME180ACCGGTAACAGTATGTACTGGCGCACCTTACTTAGTCATCATCCTGTCCAGGTGCAGTGCACAACAATAGT	498
HPV70CACTACTAACAGTTTTTACTGGCGCACCTTACTTAGTCATCATCCTGTCCAGGTGCAGTGCACAACAATGCTTT	593
HPV59CTAGACTACTAACACAACCTTACAACGCCAAATAGTTAGTCATCATCCTGTCCAGGTGCAGTGCACAACAATA	506
HPV7AATGCCGCCCAATATGTACTATTAGGGTGAGGTTGCCACACCTTTAATTACACTTTTTATT	523
HPV40GCCAAAAATGTAGTATTAGGGTGAGGTTGGCACACCTTTGATTGCATTTTCCCT	422
HPV16	GCTTGCCAACCATTCCATTGTTTTTTTACACTGCATATGTGCAACTACTGAATCACTATGTACATTTGTGTGAT	501
HPV35hTGCCAACCTTTATATTGGCTTTTGGCAATCTTTAAACTTGATTTCATCTTGCAGTATTAGTCATTTTTTCAT	499
HPV31	ATAATCCAGTCCAACCTTTGCAATTATACTATGAATCATGTTTGTTTAAATACAACCTGTAGTTCAACTATGTGT	621
HPV52AGTCCACTGGTCTACACTTGTGTCCCGCCTAAACTGACTTCTTGCTGACTCACAGGTCCTGCAGTGCAGCT	574
HPV33	AGTTAATCCTTTTCTTTCCCTGCAGTGTGTTTGTCTGTACTTGTGCATTGACTCATATATACATGCAGTGCAC	607
HPV58CTGCTTTTGCCTATACTTGCATATGTGACTCATATATACATGCAGTGCAG	477
HPV6bRCACATTGCCCTGCCAAGTTGCTTGGCAAGTGCATCATATCCTGCCAACCCACACAC	491
HPV11AAGGTACATATTGCCCTGCCAAGTATCTTGGCAACAACACACCTGGCGCC	445
HPV44CTTTATTATGTTACTAAGTACACACCTGGCGCACAGCTAGGCGCGGTTTTGGC	429
HPV55AACTTTACTATGTTACTAAGTACACACCTGGCGCACAGCTAGGCGCGGTTTTGGC	415
HPV74CCAGGTGCACAATAGGCGCGGTTTGGCATCCACATAATACATTCTTAA	473
HPV13CCAAAAACCCACACACCTGGCGTTGCTAGGCGCGGTTATATATATTTACTAAATCTTACTA	430
HPV34	CCTACGCAAGTGCATACACGTTTAAAGCGCCACCTGGCAGTTACTCATGTGTCTGCAATTGTTACTACAATGT	498
RhPV1rTACCTGTGGTTGTGCTTTGGCGCTCCCTGGTGACTCACTGTCTCTGCAACAAAAATTGG	466

		PV enhancer-associated factor binding site		
		->	<-	
most-likelyTTCTTTCCTATGCA.ATAAAAC...TG...CTTT..TAGGCACATATTTTTA..CTG			360
HPV54	CCAACATTGATTTATA-A---TT-CAT-.....A.....-AG.....-AG.....			522
HPV32	TGTTATGACTACTGTA-T-G-TA-G-AT-.-T---A.....-.....-G-GG-G-T			423
HPV42	ATGTATGAGTAACTTAAT-G-TA----T-.....A...A.....-.....-C...G--			432
HPV3	CCCTGGCACGTCTATC-G-C---AT----.-ATT----.A.....-C...G----TA-C--A-T..A--			413
HPV28	TTCTGGCACGTCAAAA-G-C---AT----.-ATT----.A.....-CC...G----CA-C--A-T..A--			552
HPV10	TTCTGGCACGGCAAAAC-G-C---AT----A-TT----.A.....-C...G----CA-C--A-T..A--			429
HPV29	TCTTGGCAAGTTGCACA-A-A-AT----.-ATTCG-.....-C...G----CA-C--A-T..A--			419
HPV61	TCCATCTATCTTTT-GACA-GT-G----.-T-CTG.....-.....-GTG.....			560
HPV2a	GAGAGGGCGTGCACA---C-AGGCTGATT.-CTT-A.....-G...-T-----C--G----			451
HPV27	GCGCGAGAGGGTGTG-G-A-----G--TG--T-TGG...-T.....-G-G.-T-----G---C----			479
HPV57	GTGTGGCGTGCACA---C-A-A--GATT.-CTTC.....-.....-G...-T---GGG---CC....			492
HPV26	CTTACATAAGCACTT--TC--A-AT-AT-.....-.....-G.....-.....-T-T			596
HPV51	TGTTGGCACACTGTT---CGC-----AATA-TT-----A.....-TG-----TGG-AT			604
HPV30	GTATGCTGCCAACTA-G---TA-CA---T-CTT-----G.....-G---T-AG-----T--			553
HPV53	GTAGGCTGCCAACTA-G---TACC---T-CCTT-G.....-.....-G-----C-----T--			560
HPV56	TATGACTGCCAACTA-G---TA-C---T-CTTT-G.....-G...-G-----C-----TAC			599
HPV66	TTTCTGTGCCAACTA-G---TA-C---T-CTTTGG...C.....-G...-G---T--G-----T.-			526
HPV18	CTTGCATAACTATATCCAC-C---A-T-.....-.....-.....-AGT.T--			570
HPV45	CTTGCACAACCTGTATCCACAC-----T-.....-.....-.....-AGT....			555
HPV39	TGGCAACATCCATATC--CAC-----T-.....-.....-.....-T-----AG.....			525
HPV68ME180	TTGGCAGCCTATATA-CTCCA--CT--T-.....-.....-.....-T-GG-----A----			560
HPV70	GGCAACCTTATGCACC--CAC---G-CT-.....-G.....-.....-TG-----AC.....			653
HPV59	CTTGCATAACTTTGG-GGCGC---TGTT-----A.....-.....-C-----			567
HPV7	GCAGTGTACTCATC--A---TA--C--TTCC--CT.....-.....-.....-G-----			585
HPV40	GTACTGTACTCATC--A--GTA-GCA-TTCC---CA.....-.....-.....-G---GC--A			485
HPV16	ATAAAATAAATCACTA-GCGC-AACGC-TT-C.-T---...C.....-G.....-GG---T			563
HPV35h	ACTTGTGGTCCACCCACAC--GTA-CA-TTG--C-G.....-.....-.....-TG--AT			562
HPV31	CATGCACATATATTA-AT-A-----CA--CC-T-----G...TA-			682
HPV52	AAACAATACATTGCC-AACA-TGC---TT..-T-----.....-.....-AT..T-A			634
HPV33	TTGCAAAATACCTTAA--G-ACTAATA-TT...-C-CA.....-.....-.....-T			667
HPV58	TTGCAAAATGTTTAA--A-ACT-ATA-TT...-CA.....-.....-A.....-T			537
HPV6bR	CTGGCGCCAGGGTCCGGTA--G-CT-A-TC-----C-.....-T.....-GT-TT-T-CT--A-G...-AC			554
HPV11	AGGGCGCGGTATTGCA-GAC-AA-G-A--.-C-.....-T...-GG-...-T--T--ATG--G-GG.A-T			507
HPV44	AACTACACAATACAT-C--AAT--C-AT-.-C-CTG-...-TC.T-G-...-GT-A--ATAG-GCG....			493
HPV55	AACTACACAATACAT-C--AAT--AT-.-C-CTG-...-TCTA--G...-T.TA--ATCG-G-G....			479
HPV74	TCTATATACCCTCC-GTC-G--G-TT-.-C--TTGG.T-----TC--.AT---T--G--G.T--			538
HPV13	ATCTTTCTATCACTCA-T--A--T-AT-.-C--T--TTT-----T.C-A-T---T--G---T			495
HPV34	TTTGCACACATTT--TACC-ACCCT-TC-----T.....-.....-AT-----C--G-----			558
RhPV1r	CACACACACTTAATCCAACCCT--T--T-.C---A.....-.....-G-CAGT-C---C---A.-			524

LCR SuperGroup A Nuc-Aln

most-likely	T.....TTACCT...TAGCTTAATT..GCATTTTGGCTT...GTAA.....TACA..T	399
HPV54G-A-A-----T-.-G-.....AG-----AAA..C--A.....AC-T-..G	563
HPV32-GG-ACA.G--CT--CAA...TTAC-C---C-A.GAC--GACTAGTGCTTTGTC-TGC.C	481
HPV42-GG-A-A.CACAT---CAA...TTACC-----A.AAC---G-A-..G	476
HPV3	A.....C--T-...-CA-A-----A-TG-C-----GC...--TT.....-CT-G.-	454
HPV28	A.....C--T-...-CA-A-----A-TA-C-----GG...--TT.....-T-G.G	593
HPV10	A.....C--T-...-CA-A-----A-TG-C-----GC...--TT.....-CT-G.G	470
HPV29	A.....C--T-...-CA-A-----A-TG-C-----CCA...--TTT.....C-AG.-	461
HPV61	A.....C--T-...-CC-----TGG-----A-T-.-CTT.....G-T-C.-	602
HPV2a	CGTCTGCAGAAAA---G..C-...-CA...-C--G--GC.....GTT...-	497
HPV27	CGTCTGCAGGAAA---G..C-...-CA...-C--G--GC.....GTT...-	525
HPV57	CGTCTGCAGAAAA---G.CC-C-...-CA...-CC-G--GC.....GTT...-	538
HPV26A--TTA-AGG-CTT---G-...-AG-----A...AC-TA.....TAC-T.-	642
HPV51	A.....T--T-...-CT-...-AG-----AG...-C-AA.....TAC-TG.-	648
HPV30	C.....AA-A-...CT-...-CAC.AATGA-----C-GC.....A-T-T.-	593
HPV53	C.....AA-A-...CT-...-C-T.AGTG-----C-GC.....A--GT.-	601
HPV56A-GTG-...CT-...-C-TT-GTG-----C-GA.....A--C.-	640
HPV66	C.....AGGTG-...T-...-AT.ATT-G-...-G-...-GC.....CCTT-T.-	567
HPV18	-T.....T--T-...A-...-AC-----C.....A--TA.C	611
HPV45	-T.....T--T-...GT-...-T-AA-...G-...-GA.....ACC-T.-	598
HPV39	-T.....-TTAC-...T-----AA-AG-----C-...-TA.....AC--T.-	567
HPV68ME180-TTAC-...T-C---A...-AG-----C-...-TA.....AC--T.-	602
HPV70T-TA-...-C-...-GA...-AG-----C-...-TA.....ACAG-T.-	695
HPV59-TTAC-...-CT-----AA-----C-...-A--TAC-	608
HPV7	CA.....TAA--A-T-...-A-...-G-...-ACC..AC-T.....A--C.-	627
HPV40	AT.....AAA-AG-...-A-...-G-...-AAA..AC-T.....A--C	526
HPV16	GT.....T--A-...A-C-...-A-...-A-AAG--T-...-A-..C	605
HPV35hTC--AAG...GGCT-----CAC-----T..AC-TA.....T-TG.-	605
HPV31	A.....-T--A.TATC--G-...-G-GC-----T.T-C-...C-TG.-	724
HPV52	AA.....C-T-AA...-GCAC-----A-G-G-----AC-C-...AAGT-..C	676
HPV33AC-TT-A...A-C-...-G-...-G-...-AC-C-...A-TTGC-	709
HPV58	A.....C-TT-A...AT-----G-...-G-...-C-C-...A-T-G.-	577
HPV6bRG-AG--A...ACT-----AA-----GC.....AGC--.-	597
HPV11	G.....CAG--A...A-G-...-AA...-C-GC.....TGA--.-	549
HPV44	G.....-AG--AA..CTTT--AA-...-A...C-GC.....AC-G--.-	536
HPV55	G.....-AG--A...ACTT--AA-...-A...C--C-...AC--.-	521
HPV74	G.....-GG--A...ACT--AA-...-G...CC-GT.....ACA--.-	580
HPV13	A.....C-AG--A...AT-C-G-AA-...-GT-----A...CC-GC-...AC--.-	538
HPV34-TG-...A-A-...-G-...-T-CC-...-AGA..AC-T-...-GT-T.-	593
RhPV1R	A.....G---TC...AT-...-AG---CAC-AA-TT.....C-GG..G	565
most-likely	TTGTAT.GCCAAAG..TATGTGTC.....ATAAAA...T	426
HPV54	G-----G-...-C.....TG-C-...C	591
HPV32	--A--AA-T--...-TA-----CTG-C-...	509
HPV42	--A-T-.-T-CT..GT-ACA-ATTACT.....CATAT---T-TTTG-	518
HPV3	C--CC-T-----CTTCCAAATCTCCA.....CCAAGACACACC--TC...C	504
HPV28	---CC-T---TAGA---CTTCCAAATCTCCA.....CCAAGACACACC--TC...C	646
HPV10	---CC-T---TAAA---CTTCCAAATCTCCA.....CCAAGACACACC--TC...C	523
HPV29	-ATCT-...-TAAA-C---TTGCAAATCTCCACCTTAACAATGTGTTTCCATGACACACC--TC...C	529
HPV61	--TCTA-...-G-..A-AC---T.....TGC--C-...	630
HPV2a	---C-G-...-T-CAC-T.....GCC-CT-...	524
HPV27	C--C-G-...-C-..T-CAC-T.....GCC-CT-...	552
HPV57	---C-G-...-C-..T-CCC-T.....GCC-GT-...	565
HPV26	---T-...-C-...TG.....AC-C-T-C-...	673
HPV51	--T-GT-----T-C-A-CTA.....CTT---C...C	682
HPV30	--TGG-A---C-...-T.....TG---GCAGG-	627
HPV53	C--CTA-----C---T.....AG---CCAGG-	634
HPV56	A--G-...-C---AGTATC.....TGTTTGC--C...A	679
HPV66	G-A-A-...-C---T.....TGC--.-...	595
HPV18	--TC--GT---C..AT-C---TACCCTTAA.....CATGAACT---T-...	656
HPV45	-CT---...-C..A-C---TACTTGTTA.....CATAAACT---C-...	641
HPV39	--TG--.T-G-..A-...TTACAGT.....ATAAGTT---C-G-...	608
HPV68ME180	---C-..T-...A-...TTGTAGT.....GTAAGTT---C-G-...	642
HPV70	--AC-...-A-...GTTTGGTG.....CAAGTTAT--TTTG-...	737
HPV59	G-C-A.T-----A-...TATAAT.....TTATTG---AACA-	650
HPV7	A--GT-..AA-...A-..ACA-...-T-..C-...	651
HPV40	---GG..TT-C-...A..T.....-C-T-...	548
HPV16	---C-AG-----C-..-AA---ACCCTAGTTCAT.....ACATGAAGTGTG---GG-...	657
HPV35h	G--T-...-C-...-CCACC-TACACATCCTGCCAACTT...TAAGTTAAAACATGCATG---C..A	668
HPV31	--AA-CT-----GT-----ATGCATTATAAATAA.....GTGTATGTTACTC---T-...	781
HPV52	A-CCTAC-----A-...-C-T.....G-----C..A	706
HPV33	-----A.C---CC-T.....G---G-...	738
HPV58	---TAT---A.C---C-T.....G---G-...	607
HPV6bR	--T-T-.-TCT...-C-...TTGGTATA.....CAATAAC-----A-...	637
HPV11	--T-G-..A-CTT..AG-A-A-TATGCACA.....ATACCC-C-...	589
HPV44	--T-G-..A-GT-...-C-...TGGT.....TTT-----	567
HPV55	--T-G-..A-GT-...-C-...TAGT.....TTT-----	552
HPV74	--T-G-..A-GT-...-C-...TAGG.....TTT--T-...	611
HPV13	--T-G-..A-GT-...A-...TACA.....TGT-----	569
HPV34	--AC-...-G-...-AT--T.....GA---C-...	620
RhPV1R	---G-T---TAC---CCTT.....TTA--TG-...	597

LCR SuperGroup A Nuc-Aln

		/-> HPV16R ori start	
most-likely	G..AGTAACCT.....ACATGT.TTTGCAACCG.....AAATCG.	457	
HPV54	A...-G-...-T..CAG-A----	618	
HPV32	-CATC-----T.-AA..C-GT-----	538	
HPV42	T..TT----A-.....G-G-...-G-----C--	547	
HPV3	-...-CG-...-G-T-C-...-CT-G--A.....T--TT.	533	
HPV28	-...-CG-...-G-T-C-...-CT-G--A.....T--ATT.	675	
HPV10	-...-CG-...-G-T-C-...-CT-G-TT.....T--TA.	552	
HPV29	-...-CG-...-G-T-C-...-CT----T.....T--TA.	558	
HPV61	T..T-.GG-A-GTTTTA.....CACACATT----ACAA-G--	671	
HPV2a	-..CC-TG--GC.....G---TC.CAA-A--AC.....-CCTA.	555	
HPV27	-..TC-TG--GC.....G---TC.CAA-A--AC.....-CCTA.	583	
HPV57	-..TC-TG--GC.....G---TC.CAA-A--AC.....-CCTA.	596	
HPV26	-T.T-----CATAGTTA.....AACACAGGTG--A--T-----AT-T	718	
HPV51	A..TC-T-.-CATATGCAGGT.GTGCTACACAA-TG--ACCT-----T-T-T	734	
HPV30	-..T----AACCT.....TACT---A-.CCCA-----GTTA--	663	
HPV53	-..T-.C---ATT.....ACT---C.ACC-----TTTA--	669	
HPV56	T...-A-ACAA.....TFACT---T-.-AA-----TTTA--	717	
HPV66	A..T-----ATATAC.....TFACT---T-.-ACAA-----TTTA--	635	
HPV18	-..-C---G--GTGC.....ATAC-T-GT-.A-----A-	695	
HPV45	-..-C-C-.-TATAC.....ATAC-T-GT-.A-----AA-	680	
HPV39	-..-C---.GTAGC.....ACACA-T-GT-.A-----A-	647	
HPV68ME180	-..-C---.ACCACA.....TCCATA-.T..G-----A-	681	
HPV70	-..-C---TA-TTTT.....ACAG-C-.-G-----A-	775	
HPV59	-..-C---GG-TTTT.....GTC-.T-.-AA-----AA-	687	
HPV7	C...A-GG.-.....CAC.C-GCA-----CTT---	679	
HPV40	T...-C-C-.-GG.....TG--CAC.C-GCGG-----CTT---	580	
HPV16	T...-C-.-ACAT.....TGTT---T..-G-AA---T-CACATGGGTGTGTGC---C--T	708	
HPV35h	T...-C-C-.-GTATTACACATTTGTTATATGCAC---G--G-G-C-----TT-G-A	723	
HPV31	T...-A-TG-A-.....T-G-.-A-TAC---TTT---G	812	
HPV52	-..-T---A-ACTGTTACT.....CACCAGGTGTGCAC-.ACA-G---GTTA--	753	
HPV33	-..-C-...-C---ATT-C-A-GTGT.....GGACT-C--T	777	
HPV58	-..-C-C-.-A.....T-A-GC--GGT-TGG.....ACT-C--T	645	
HPV6bR	-..-G--.CACA--C-T-.....CG-C--G	668	
HPV11	-..-G--.CACA--C-T-.....C-C--G	620	
HPV44	-..-G--.CACA--C-T-.....GT-----	603	
HPV55	-..-G--.CACA--C-T-.....GT-----	588	
HPV74	-..-G--.CACA--C-T-.....C-C--G	641	
HPV13	-..-G--.CACA--C-T-.....GT-----	606	
HPV34	-..-C---G-AGTG.....CTT--TCA-.-C-T-GACT.....GTT--C--T	665	
RhPV1R	-..-T---.TTTCAAAA.....TGTTCCTTG--G--G--TG-----GG-----	642	

LCR SuperGroup A Nuc-Aln

	-> E1 binding site <-	
	* position 1 in HPV16R	
most-likely	GTTGGG..TTACAC....ACA..CTATAC..TTTTATTATAATAATTAACAATA.ATC.TT....TTTTA	512
HPV54	-----C-.....C---T---CT.....C---T---T-----T-C-..C-.A-G...A---AT	672
HPV32	--GC...A--A-.....T-C..TA-CTTG.--C-G.--G-T--T--A--GT-----TGAAT-A-A-	595
HPV42	--AC...A--A-.....T-C..T-C-TA...C---C-T--T--A---T-C-....C-GG..C---G-	601
HPV3	A-GCA-...-G-T.....-GT-C-T...-C-A-C-----T--A--T--C-...G.CAC...A-AA--	590
HPV28	AAGCA-...-G-T.....-GT-T-T...-CCA-C-----T--A--T-----G.AAC...AGAAGC	732
HPV10	A-GCA-...-G-T.....-GTCT-T...-C-A-C-----T--A--T-----AG...ACAA--	609
HPV29	A-GCA-...C-G-C.....-C---G-CT...-C-A-C-----T--A--T--C-...C...A-AA--	615
HPV61	--C-...C-C-CT.....TGTCTC--T-.....G---G-TTA-----C...A.....A-G--	725
HPV2a	T-CC--..-CG--.....-TGT...-CTATG-G-GGT-----GTA---T---C---A---T	613
HPV27	T-CC--..-CG--.....-TGT...-CTA...-G-GGT-----TA---T---C---A---T	639
HPV57	T-CC--..-CG--.....-TGT...-CTA...-G-GGT-----TA---T---C---A---C-	653
HPV26	---TT-T.-A-TG.....-TG...-A-GTT...-C-----A---CTT-----T...A.....G-AC	773
HPV51	---CT-C.C--TG.....TTG...-A-C-T...-C-----C-T-----T...A.....G--	788
HPV30	---TT...CAG.....-A.G-T--TT...-A-A-----TGA--G-T---GC...A.G.....A--	719
HPV53	---TT...CAG.....-GG-CT-TT...-A-A-----TGA--G-----C.C-A.C.....AT	725
HPV56	--C-T...CA-A.....-GGT-TT...-A--G-TGA--G-TT---C...A.C.....AT	771
HPV66	--C-T...C-A.....-GGT-TT...-A--G-TGA--G-TT---C...A.C.....A-T	689
HPV18	-----CAG.....-T-.....-C-----AT-CTT-----T.G-A.G...A-A--	750
HPV45	-----CCC--T.....-C-----C---AT-CTT-----T...A.C...ACA--	735
HPV39	-----CA.T.....-T-C.....T...-A-C-----C-T--T-T-GT...-G.....A-	704
HPV68ME180	-----CA.....-T-C.-A.....-AC-----C-T--T-----C...T...A-AGT	736
HPV70	-----CAGAC.....-TTC.....-AC-----C-T--T-----C...A..A.....A-	829
HPV59	--C---C.AAGT.....-TG...-C-T...-C-AC---T-CTT--T-----C...A.G...AA-A-	743
HPV7	-----C-----GTTT.TAT--T...-C-AG---T-GT---T---T.G-A.CA...G-AC	734
HPV40	-----C---T....GTTT.TAT--T...-C-AC---T--T-A-----T.G-A.C...G-AG	635
HPV16	T-----TTTA-A-GCAA.C-A--A-----C-A---T-C...AA--CA..TG-A--	770
HPV35h	T-ACA-...-TT-T.....-AG...-AT-T.....-G-T-G-----T...CC...A-AA-	779
HPV31	T-ACA-...-TT-.....-AG...-A-TG...-C-T-----C-T-A--T-----A...G-A-A-	869
HPV52	---A...CCGT.....C---A-CCAC.....T-----T--A--TT-----AT.AC-AG--	811
HPV33	T--A--..-C-T-TTG..GT--T.T--A...C---TA-----G-A---T---GCCAAG..T--A-	840
HPV58	T-----C---TTGTTT-TG..T-TC-AC.A---A-----C-A---T---GCCAAA.TC--G--	710
HPV6bR	T--C--...TC.....CC---C-T..A---CC--C-T--G---T--C...G...G---	726
HPV11	T--C--...C.....CC---C-T..A---CC--C-T--C---T--C...A...G---	678
HPV44	-----AC-----C...G---AC--CC--C---G---T-----AAC.CT--AC-	660
HPV55	-----AA.....C...G---A---CC--T--G---T-----G..AA...GC---	643
HPV74	TA-C-T..-A-----CC--G-G-CC-C-----CAT-A-----TT-AA.C.....G--	701
HPV13	---A...AA-----C...C--T..AG--CC-----TG--TCT--C-...A...AG---	661
HPV34	T----A...-C---AG..TGT-C.-A-CC...-A.-A--T---AA---T---C-A...C-A--	724
RhPV1R	--CAAA..C-TTC.....AGC-T.....AG-----C-----T---C...C.....GAG-	694

LCR SuperGroup A Nuc-Aln

	Sp-1 bind	-> <- ->E2 bind <-	->E2 bind <-	signal	
most-likely	AAAAATAGGGAGTAACCGAAAACGGTT	.CGACCGAAAACGGTACATATAAAAA	GCA.....	CCCAGAA..	574
HPV54	---TA---GG-----	..A-----C-----	..GG....	TTGT---A.	736
HPV32	---G---G-----T-T-----	.TA-----G-----T---	C-----T-GG..	657
HPV42	---TA-----TT-----	..A-----C-----	T---	C-----A-G..	663
HPV3	---G-----	A.....TGG-----	G.-AGG....	-A--T--T.	654
HPV28	---G---GG-----	A.....TGG-----	..AG....	G-TTAC-..	794
HPV10	-T-----GG-----T---	G-----TGG-----	..CA-G....	G-C-....	669
HPV29	---G---GG-----	A.....TGG-----	..GA--T....	-A-T-....	677
HPV61	---G---TT-GC-----	C..G-----CCTG-----	T---	-A-A....C-GT--GGT.	790
HPV2a	-----T-G-----	C..A-----TT---TG---	T-..A---....	667
HPV27	-----T-----	C.....T-----	G-----A-----	693
HPV57	-----C-----	C..A-----G-----	A--G-GC	711
HPV26	T-..-..-T-----	G.-A-----C-----	GT-A--GG	831
HPV51	---C---T-----	G.-A.T-----G-----	GT---	G....TGGT-A--..	854
HPV30	G-..-..-G-----	TA---TT-A-----	..C....	TGT-CC-..	780
HPV53	-G-C..-..-G-----	TA---TAG-----	-TGT-T-..	786
HPV56	-T-T..T-----	G-----G---TAA-----	G-----G-TTATT..	833
HPV66	-T-T..T-----	TG---TAG-----	G-----G--T-TT..	751
HPV18	CG.G-----GT-----	G....TGTGAG-..	809
HPV45	---.---T-----	G.-A--A-----G-----	..TT....	TGTG-..	796
HPV39	CA.G-----T---GG-----	C.-G....	T-A-----	765
HPV68ME180	-T-..-..-G-----	CA.T-----GT-----	GCT-A-....	-A-----	796
HPV70	GC-----CA-----	GT-----	C-----TG--A--G.	890
HPV59	T-----A.A-----	G-----	G.-T-----GTT-..	801
HPV7	T-..-..-C-----	C.....C-----	C-A....A--AA	796
HPV40	T-..-..-T-----	C.....G-----	TT.C-A....A--AA	697
HPV16	---CTA---C-----	T-----G.A-----	C---TAG-----G.A--TTT..	831
HPV35h	---C---G-----	C..GT-----TGCC-----	..	GAAGTG-A--A--..	846
HPV31	---G---G-----	GT---G.A-----	TGG---T----AT--T-T.	931
HPV52	---G---T-----	C..A-----C---GT---	T-T-..	A.....-A--TG..	873
HPV33	---G---T-----	G-----G-----	T---	A...A-ATTTGCA	906
HPV58	---C---T-----	C..T-----C---G---	T---GA--TTTTT	774
HPV6bR	-----GG-----	..A-----TG---	T---	C-G....TA--AT	789
HPV11	---G---GG-----	..A-----T-----	T---	C-G....A--AA	741
HPV44	---G---G-----TT---	C.-A-----T-----	C-G....A--AT	724
HPV55	G---G---GG-----	TT---C.-A-----	T-----	C-G....A--AT	707
HPV74	-----G-----	C.-A-----T-----	T---	C-G....A--AT	765
HPV13	-----T-GG---	T.TA-----G---	T---	C-G....A--AT	725
HPV34	---T---T-----	G.-A-----T-T---	G-----	T-..TGC....TG--T-CA	789
RhPV1R	694

LCR SuperGroup A Nuc-Aln

	* position 82 in HPV16R	
most-likely	...CAG..TAG.....CGGAGC.AG.T	589
HPV54	..A--T.--T.....TT-G-G.GC.A	753
HPV32	...--G-TCCT.....TGTTAAG--.A	679
HPV42	..T--G-TCCC.....AGTTAAG--.A	685
HPV3	..G.....	656
HPV28	...TT-AA-G-.....A--AG.CTCA	812
HPV10	...T--C.ATC.....T-C--A.--C-	686
HPV29	...--G.CGT.....G-C--A.--CC	693
HPV61	...--CAA--.....AC-CTC-TC-	809
HPV2aA---.G	674
HPV27G	700
HPV57	GCCAT-.-C.....AA-G---GG	730
HPV26	..CT--C.--CGT.....G-AA-A.--C-	852
HPV51	...GTA.---AA--A--C.C	869
HPV30	..A-C..GGA.....A-T-T.-CCC	796
HPV53	...-AC.ACC.....-A-GA.-TCC	803
HPV56	...-T-T.GT-.....GAC-.T.-TCC	849
HPV66	..GT-C.CT-.....TA--.T.-TCC	767
HPV18	..A-CA.C-C.....-AC-AT.-C.-	825
HPV45	..A--.-GC.....ATT-.-.G	810
HPV39	...TTT..CT-.....TCC-.T.-CCG	780
HPV68ME180	...--T-.....TCT-.T.-CCA	811
HPV70	...TT-CT-GC.....-CATA-.G-.A	907
HPV59	..A--AAA--.....G-C-A-.G-.C	818
HPV7	..C-T-.ATC.....T--G--C-C.-	813
HPV40	..C-T-C.-TT.....G--GC-.-.-	714
HPV16	...T.....	832
HPV35h	..A--.C--AAGTGGACAGACATTGTAA--T--.G.-	879
HPV31	..TTT-.-GCAAA.....CCTAC--A.C-CC	953
HPV52	...T--C.--A.....--C-.G-CC	889
HPV33	..GTA--G.--C.....T-C-CG.-C.-	924
HPV58	TGGT--GC--C.....T-C--G.-C.-	794
HPV6bR	..TT--C.A-A.....--AG--.-T.-	806
HPV11	..TT--C.AGA.....--AG--.-T.-	758
HPV44	..TA--C.A--.....G--.-T.A	741
HPV55	..TA--C.A--.....G--.-T.A	724
HPV74	..TA--C.A--.....G--.-T.A	782
HPV13	..TG--C.A--.....G--.-T.A	742
HPV34	CTG-T-..G-C.....A-ATTG.G-AA	808
RhPV1R	694

		-> E2 binding site <-	
most-likely	A.....TGT...TATCGTTTTCGG.....TACAATAAAA.T.....		27
HPV19-T...GT-----T.....		27
HPV25AA...-C-C-----A.....		27
HPV20CCC...G-C-----G.....		27
HPV21CA...G-C-----G.....		27
HPV14dCA...-A-----G-----G.....		27
HPV5	G.....GTCT..G-C-AAAGT--.....T-TTT--.....		28
HPV36-A...G-C-----T--.....GATTT--.....		26
HPV47GA...G-C-----GATTTG--.....		27
HPV12-C-AA--T--.....T-CC--.....		26
HPV8-TG...-C-----A-CC--.....		27
HPV24	-ATAAAGGC--T...-C-----T--.....		34
HPV15	C.....C-A...-T--G-CG-T.....		21
HPV17	C.....C-C...-T--G-C-T.....		22
HPV37	C.....C...-T--G---C.....		21
HPV9	C.....C-A...-G---C.....T.....		24
HPV22	C.....C...-T--G-G-TT.....		25
HPV23	C.....C-A...-G-CG-C.....A.....		22
HPV38	C.....C...-T--G-CG-C.....		24
HPV49	C.....C...-T--G-G-T-GGT.....CT-T-----A.....		31
CgPV2	C.....-C-----CTGGC-CA-CAAGGGGTGGGTGTATAA		45
HPV4	C.....AA-G.TG-A-TC--CT--.....A-TGT-TT-T.-CTGCCAGG.....		37
HPV65-TA...ATC-T-A-AA-AATGCATTTGTTCTGCCA-T-GA--CT.....		43
HPV48	TAAA...GA---A..G-AT---A-AT.....TT-AT-CT.G.....		33
HPV50	G.....CTGCTGACAT-C---TT.....GG-TT--CTGTG.....		31
HPV60-AC...ATATA-A-ATTA.....-TG--T--.-GAAGGAT.....		33

most-likelyCAACTTATACA.CAGTATT..TA.....AGTG	51
HPV19-T-G--.....C-.....-G.	50
HPV25-T-G--.....C-.....-G.	50
HPV20-T--G-----C-.....-G.	50
HPV21T-----C-.....-G.	50
HPV14dT-----C-.....-G.	50
HPV5A--T-----C-.....-G.	51
HPV36A--T-----C-.....-G.	49
HPV47T-----T-----C-.....-G.	50
HPV12-T-G--.....C-.....-G.	49
HPV8A--T-----C-.....-G.	50
HPV24TGTG-AT-.-C.A-A-G..CT.....T--T	57
HPV15-G-A--.-C.A-TA-GG..-.....T--	44
HPV17-A-A--.-C.A-AATGG..-.....T--	45
HPV37-A-A--.-C.A-TA-GG..-.....T--	44
HPV9T--G---.-C.A-T-TGG..-.....T--	47
HPV22-TA---.-T.A-TCTGG..-.....T--	47
HPV23T-TG--.-T.A-TCTGG..-.....T--	45
HPV38T.TA---.-T.A-TGTGG..-.....T--	46
HPV49T-TT---A..T--T--GG--.....T--	57
CgPV2	ACCTAACAGTCTCTTGTACCGTTTTTCGGTACCACATGTG---T-G--.....-AA.	107
HPV4AAAACCTT---G..G-C.A-A-TA..-.....TA.	67
HPV65A---G..G-C.A-T---A..-TAATCTTT-GA	74
HPV48TG-A-C-A--.-A-C-G-GA.-C.....-A..	57
HPV50A-TA-G--T.GT-A--C.-TA....CT--	59
HPV60ATATTAATT-A-A--G-TG-T--TG..A.....-A--	65

AP-1 binding site

		-> <-	
most-likely	AATGATTTTTTA.CTCTGAC.TAAGTATGTGACT.....A.		84
HPV19	---T--A---A---C--A-AA--G.....		83
HPV25	---T--A---G.TG-----C--G-AT-C.....		83
HPV20	---T--A---C--A-AT-C.....		83
HPV21	---T--A---C-AAAT-C.....		83
HPV14d	---T--A--C-----C-AA-ATGA.....G.		83
HPV5	---T--G-----AA-T--TCCAAG.....GATACCG.		96
HPV36	---T--G-----AACT--ACCAAG.....GGAACCG.		94
HPV47	---TC-G---G-----G-AACT--GCCAAA.....GAAAC-.		94
HPV12	---T--G-----C-AACT--ACCAAG.....GAAACAG.		94
HPV8	---T--G---T-----C--CACT--ACCTAA.....GAAACCG.		95
HPV24	-T-C-.-G-GC...G---T-TGAACCTT.....G.		86
HPV15	--GT-----C-T--TC.....A		72
HPV17	--GT-----C-T--TC.....A		73
HPV37	--GC-----C-T--TC.....A		72
HPV9	--GC-----A--C-TC-TC.....A		76
HPV22	--GC-----C-CC-T.....A		76
HPV23	--GT-----A--CGTC-T.....A		74
HPV38	--GC-----CTTC-T.....A		75
HPV49	--GGC--G---A--CG--TC---AAGATTGATTA.....ACCCACCTGC-		106
CgPV2	---CC-GAG-.....-A.GCT.-GC--TGA.....G.		133
HPV4	---CG--C--A..A---C-A.A-TTG-GC-A-T-ATATAAGATTTGCCAAACGTGTATGTATCTGTTTTTGTGA		137
HPV65	--C-TG-A-G-..A-T--.-TTT-C---GA.....		105
HPV48	--AC-C-G-GA-TA-T-T-.CGT.GG--C-T.....TA		91
HPV50	---C---AGA.....-G--CTTG-ACATTTCAAAAA.....TGAAT-		101
HPV60	--G---AA-A-.A-TGC--A-C--C-A--T.....G.		99

LCR SuperGroup B Nuc-Aln

	-> E2 binding site <-	
most-likely	ACCGCA.CCCGA.....GACA.ACAGGT.CAGT.TAC.TGCCACCGG	121
HPV19	-----T---T-A---G---TG---AATC	122
HPV25	-----T---TA-A---G---TG---AATC	123
HPV20	-----C---T-A---G---GTG---AAT	122
HPV21	-----G---T-A---G---GTGA---AAT	122
HPV14d	-----G---TACATAA.....AGGTGCC-A..TG---G---GTT---GAA-	133
HPV5	-----G---T---C.T---TC.A---GT---ATAT	134
HPV36	-----G---GTCAAC.G-TAC-G----ATAT	132
HPV47	-----G---T---CGTA..T----CT-GT.---AAAC	132
HPV12	-----G---G---T---T-A---G---GG---AATT	132
HPV8	-----G---T---T-A---G---AGT.---AAAC	133
HPV24	.G-.T.TGAAT.....T---CG---CC.CGG.-A-A-GTA-	118
HPV15	---.G.-ATAG.....T---TT..C---AC.A--C--AC---	105
HPV17	---.G.T-TTC.....T---.---C---A.A--C--AC---	106
HPV37	---.TATA.....T---.---C---AC.A--C--AC---	105
HPV9	---.G.TA-A.....T---.---ACAG--C.G--C--AC---	110
HPV22	---.G.AA-A.....T---.---AC---C.A--C--AC---	109
HPV23	---.G.AA-A.....T---.---AC---C.A--C--AC---	106
HPV38	---.G.AA-A.....T---.---AC---A--C--GC---	108
HPV49	-----G---TTA..T---A-T-TA.A-GG---G.---	143
CgPV2	---.G.GG--GC.....CG--.C-C--A--TA.A-T---TCG-.C	168
HPV4	--T---TAGT---.A-T---ACT-C---CA---T---GT-T	174
HPV65	--T.TG.AGTA---.A-T---ACT-C---CA---T-T---T-T	142
HPV48	TA---C.T--ATTG.....G-TGGG.TT..C-.G-CC---TAAA-TC-T--	131
HPV50	-A---.AATA-AGTTAATGTACAGGTGTGTGTGTCTTTGA-T---.GA---T-T---TCC-GC--TT	165
HPV60	--T..C.A-G-G.....-T-T---TT-.TT-C---C--GC-TTC	135
most-likely	AGAA...TCA.....GTCTGAGC...CAGA.....	140
HPV19	---T...A-----GC---	141
HPV25	---T...A-----T---	141
HPV20	--GT...G-GTTGTGAGCCAGAAGAGATCACAGCCAAGTCAG-CT-----	173
HPV21	--GT...G-GTTGTGAGCCAAAAGAGGTTCAGAGCCAAGTCTGT-----	173
HPV14d	--GT...GAGCCAA.....CTCAG-T-C-----	163
HPV5	---G---A--A-T---	153
HPV36	---C---TG---T-TA-T---	152
HPV47	---T...A---TG--AGT-----	152
HPV12	--TC---C---T-TGTT---	152
HPV8	---C---G---T-TA-T---	153
HPV24	-T---A---T---T---T-CC---	134
HPV15	TT-----A--TA..A-AT---	122
HPV17	TT-----A-T-TA..A-.T---	123
HPV37	TTT-A---A--T...A----	121
HPV9	TTT---T---A-T-TA..A-T---	128
HPV22	TTTT...T---C.A-T-TA..A-.T---	125
HPV23	TTTC---C.A-T-TA..A-.T---	122
HPV38	TT---A-T-TA..A-.T---	125
HPV49	T-TT---C---G---T-.C---	160
CgPV2	T-TG---T-T-AT---A---	187
HPV4	CC-G---T---C-----T---TT---	193
HPV65	CC-T...ATT.....CT---TTGGTCAACATGTGTGT	176
HPV48	GTC-G---T.T-GT...AGC-GAC...	153
HPV50	T-T-GTA-A---GGTC---ACA---GT-CG...	187
HPV60	-T---T---T---T-G---TT---	152
most-likelyTCAG...ATGGTGCT.ACGT.....TATCACATGCTCGGATT.	173
HPV19	-----GCACA-CA--GG-CA.....G--TG-CT--TTG-	178
HPV25A-TC...-G-CA--G--TCGCCA.....GATGCG-AT-G-CT-TA-TG-	182
HPV20	-----ACA--G-----GC--G.A--T-C...	200
HPV21	-----AC-A-.G--CGCCAG.....AGTTGG-----C--TTG-	214
HPV14d	-----ACA--G--AGCCG.....CGT-GGAT--A--ACAT.CG	202
HPV5A-C...-CC--TG-ACTCAGAACAGACCGTGTTCGT--A-----	206
HPV36A-T...-CA--TG-AAGCAGATCGA.CCGTGTTCGT-G-A--C-----	204
HPV47A-C...-CC--G-.T---CGCA--C-----A	185
HPV12A-T...-CC--G-.T---CC-A-----A	185
HPV8AT--...-CCA-.G-.T---CAA-----A	186
HPV24A---CA-ACA-A-.A-G.....A-----T.C.	164
HPV15G-C...C-----G-TT-----C---TTTG.-.	153
HPV17G-C...C-----G-TT-----C---TTTG.-.	154
HPV37A-C...C-----G-TT-----G.A---TTTG.-.	152
HPV9G-C...C-----A--TT-----G-A--A--A-ATCG.-.	159
HPV22	---CT...CGA-GTAAG.ATAA.....CC---GTA-A-ACC...	158
HPV23	---CT...CGA-GTAAG-TTAT.....G---GCA-A-ACC...	155
HPV38	---CT...GAA-G--AG-TT-C.....A---G---AGAT--CA	160
HPV49	---TG...CA-T-A-A-.GT.....C-C-T----CA-A-G-G	193
CgPV2	---GC...GC-CGC-AG--TG.....GCAT-G-CC--T--C-C.	220
HPV4	---GGTC--ACA---GT-CG.....C-C-C--ATAATT--	227
HPV65	CCGCACCCAGTAA-T-C...C--AT-.G-.C.....CCA-TCC-....	220
HPV48GC-G---GA-CA--AG--A.....T--G-C--CAT.-.	186
HPV50	---T-T-G--CAAT-A.TGT.....G-C--GC-GA--TG.C.	221
HPV60G--T---C-A-AC.TATAAGAAACA.....ATCACT-GG---CT-----.	197

LCR SuperGroup B Nuc-Aln

most-likely	TGTAA.CACGCAA.....AGGACGATTGCC.....GGAAAATCAATTT.TGCCAAT.....	217
HPV19	-T---TCGGA..TT----TC-C---AA.....T---TCAT---C-----C.....	231
HPV25	-T-G-....TCGGA..TT----T-C---AA.....T---T-CT---A-----C.....	235
HPV20	-CA---TT---TCGT.CCC-AC---T-C-GAACA...GGA----TGT--GGC-----CG.....	256
HPV21	-C-----T-----TCAA-GAAA.....T...T-AG...-C-----C.....	256
HPV14d	-C-G-A-----A---TCAA-GAAA.....T...T-AG...-G-----G-CTATTGTGTT	254
HPV5	A-GG-C-T-C-C-.....-A-A---TAA.....TCT-C---GC---G---G---C.....	253
HPV36	A-AG-CATT-C-.....-A---TAA.....TCT-C---GC-G-..-G---C.....	251
HPV47	G---CTT-TGC-----A--A---TAATC.....TT...TT---GT---G-G-C.....	232
HPV12	G--CGA-CGC-----CT---GTT.....T-CC---AGC--A.CAG--GCTC.....	234
HPV8	G--CG.-CT-C-.....-A-TA-TGATC.....TT-CC---T---G--GCG.....	234
HPV24	-CA.-.----T.....C---T---G-.....C--T...C.AA--GT.....	196
HPV15	G-A-G-....-CG.....-C---CCC.....A..G-A-..-GC-----GT.....	191
HPV17	G-A-G-....-GC.....-C---CCC.....-A...-GG.A---G.....	191
HPV37	G-A-G-....-TG.....-C---CC.....A..G-A-..-GC.A---GA.....	190
HPV9	G-A-T-....-GC.....-C.A-CC---.....A..-TT---AC-----GG.....	197
HPV22	-CG.G-....-TG.....GA-C.A-CC---.....A...-G-----GG.....	193
HPV23	-CA.G-....-TG.....GA-C-..-CC---.....A...-GA.....C-----	189
HPV38	-C-G-....-TG.....CA-C.A-CC---.....A...-GA.....-GG.....	196
HPV49	---T.TTT-.C.....-A---AT---A.....A-T-CC-CA...-CG-T---GCTA.....	238
CgPV2	-C.-.-T-CCGG..AT-A---TC---AA.....AC---TT-AC-----CT.....	272
HPV4	GCAT-....AG-TCA..GT---GAGGC---AA.....GAC-G-C--ATCC-C.-T-A--TTCCT...TA	286
HPV65	GCGCGC--A.A-G.....-ACG-C-.....CTTCT-T...-CTAA--AATT.....A	265
HPV48	---G-.G-.G.-.....-AC--T--T-G.....-T--GT-TC--AGCC---GGT.....	230
HPV50	---G---GGTCACTTT-A--..-GACA-.....-CCG-T...-C-GT--GT.....	266
HPV60	-TA.-.-A---TTG...CT---AC--A--AACCCTAACT--TT--AA--GAG.C---AGG.....	255

	-> NF-1 binding sites	E2 binding site <-	
most-likely	...TTTTGGC.....ACCG.....TTAACGT	235
HPV19	.TC-----	---T-CACTTGGC...AAAGGTAAGG-C---	267
HPV25	.GC---C---TCTTTGTTT.....GGCAGAGCTCA-G.....-C---		271
HPV20	..C-----TCTTCTTTTG.....GCACAGCAGAAGA.---	-----G	298
HPV21	.GA-----TCGTGTT.....TTGGCAGA-GTTA.....GG-C---		292
HPV14d	CGAA-----AAA.....GTTGA-G.....-C---		279
HPV5	.GCA-----ACTGC.....TAAAAGA.---	-----G	284
HPV36	.GC-----TGAGA.....TAGCTGA.---	G-----G	282
HPV47	.ACA-----ACCGCGGGCAGCTGTTTTGGCACTACAAGACA---	-----G	284
HPV12	.AG-C---ACATT.....TGTGGA.---	A---G	264
HPV8	..C-----ATCTC.....CAACGGA.---	-----G	264
HPV24GC.-	---	210
HPV15	..AAC-----	-G-----A-	206
HPV17	..G-----	-G-----AC	206
HPV37	.ATA-----	-G-----A-	206
HPV9	.TTCG-----	-G-----C---	213
HPV22	..-C-----	-G-----A-	207
HPV23	..C-----	-G-----A-	202
HPV38	..AC-----	-G-----A-	210
HPV49	.CA-----	-G-----TC	255
CgPV2	.GC--CG--GTGTTCTTTCAG.....GCACCATAGCTGT--A.....G---G		317
HPV4	AAA--A-T-AATTTAACAACCTG.....TAAGCTACAAAAGA.---	---T---	332
HPV65	CCG---CT--AGCTGCAAA.....ATTGTGTAAGA.---	---T---	305
HPV48	.AT-G--T-T.....ATACAGTTACACCTTAAAATG--CT-C		270
HPV50	..T-G-AT--CTTTAGGGA.....ATATAAAGCGA.---	AAGT--G	304
HPV60	GGAAACA---.....A---TTTTCGTT...CTCCTGAAGG-----		293

LCR SuperGroup B Nuc-Aln

putative v-myb binding		
-> <-		
E2 binding site <-		
most-likely	TAACTTGG....AAGTTTA..TGTACCGGGTGC GG.TAAAGATA.TTACTC.....ATTTCG..A	284
HPV19	---G-T.....T-ATA---C---T---AG-----GTG	317
HPV25	---G-T.....C---T-ATA---C---T-AT---T	321
HPV20	---G-TT.....T-T...T---T---C---C-TACA...---T-GT-	345
HPV21	---G-T.....C-----CG-AT-----AT-	341
HPV14d	---G-T.....ATTTC-C-----C-CTG-----C-ATGTG	331
HPV5	---G-C.....T---CCT---A-----TT-GG---T-A.....A-TA.T	335
HPV36	---G-ATT...T-T.....A-----CT-GA---T-A.....A-AA.T	333
HPV47	---G-T.....C-T..A.....A-----C-CA---T-A.....A-G-AT	335
HPV12	---G-CT.....C-T-C-T.....A-----C---T-C-AATAGCACATTAT-C-A...-	321
HPV8	---G-TT.....C-T...CAG-----A---TGA-A---T-T.....A-ATA-	313
HPV24	-T-----C-C-CGCACA-C---TTAA---GTG---TG-A.....TACT-T-	260
HPV15	-TT-----CA-C---ATAA---ATA-----T-GA..-	251
HPV17	C-T-----C---C---ATAA---ATA-----T-GGA..-	249
HPV37	-TT-----CA---ATAA---T.G-A---T---A..-	250
HPV9	C.....CTT...C...AA-A---AC-A---C-G...A-G---T-G...C	250
HPV22	-TG-----C-A.AG-.C-C---ATAA---AC---TTAA.....T-TT.A-	255
HPV23	-TG-----C-AGAA-AGA-C---ATAA---ACT-TA-T.....T-T...-	252
HPV38	C..T-----C-ACG-AG-C---ATAA---GAC---T---T-TA..-	258
HPV49C...C...AAC---A-AA-A---C-G---AGTT---A---G	297
CgPV2	---G-AC.....CTC.AA-T-----CTC.A-A---A-ACG.....TC-A-G-GT	370
HPV4	-TC---CT.....CC-G..G-A-AAA---A-T.G---T---T-G.....CAC-T..T	379
HPV65	-CC---T.....CC-G.GCAC-AAA---A-T.G---T---TAG.....TAA...T	353
HPV48	C-----TTA...C...AG--A-A-AT-AA.C---CTTAA.....ACA-T-	319
HPV50CTAACAA--A-A-AA-C-CA--A--TA-AAC---CC-C.-G-G---CCTC..-	360
HPV60TC.....C-G-A.....AT-T-CATA.C---T-T.-G---C-T..C	337
most-likely	CT.GTTGT.TGCCA.ACTACCATCGTG.....AGTATCATGT.TTTT.GCCTGTATCGTTGTC	337
HPV19	--T-----A-T-G---T.....TG-A-T---C-----G-A--	371
HPV25	--T---C-----A-T-G-A-T.....A-T---C-----A--	375
HPV20	G-T-----G-----AA-----CA-G-----A--A--	399
HPV21	G-T-----G-----TTA-----GAC-G-----A--A--	395
HPV14d	G-T-----T-CT-----GA-G-----A--A--	385
HPV5	A-G-----A-GC-----TAT--A-----T--	389
HPV36	A-T-----T-CT-----TAT--A-----T--	387
HPV47	T..A-----A-C-----TA--A---C-----T--	388
HPV12	T-----A-C-----T--A-----T--	374
HPV8	G-T--A-----A-----C-----TA--G-----T--	367
HPV24	-C..G...CG-G...A-----CCACC---G.CA-T---T	301
HPV15	-C...A...G-G.G.-T-TT.....C-G---GG---G-T..G--A-A-T	292
HPV17	-C...A...G-G.G.---TT.....C-G---GG---G-T..G--A-A-T	290
HPV37	-C...A...G-G.G.---TT.....C-G---GG---G---G-T--A-CT	291
HPV9	AC...A...GTG.G.-TAT.....T-G---C-G---GG-AT..G--T-G-T	288
HPV22	-C...A...G-G.G.-TATT.....G-T---CG-A--AACA--T-G-T	296
HPV23	-C...A...G-G.T.-CATT.....CT-A.C.C-G---AACA--T-G-T	293
HPV38	-C...A...G-G.T.-GGTT.....T---CC-G--AACA--G-G-T	299
HPV49	GC..C...-T-C.-TAT.....CTTA--CA-C...-T...G-G---T	336
CgPV2	A-T-----A-G-----A.....GT-TA--A---AC-----A-GAT-G	421
HPV4	T---GA...T---T-TGTC-G-C-GCGCTGAACGAATTTG-CTGTCA-C.C---ACCGGGA-G-G	445
HPV65	T..A-GA...T---T-TGTC-G-C-GCGCTGAACGAATTTG-CTGTCA-C.C---ACCGGGA-G-G	419
HPV48	-C.T.AA...AG-G.G.---TG-ACC-T.....TT---GGT---GA---T.C-GA-CA..T	367
HPV50	G..CA-C.-G-.G.A-GA-AGTAT.....CCGAT-.C.GG---T.A-G-TT--C-A	410
HPV60	T-T---AGAAA---T.-T-G-TC---TGATAT.GCGCCAG-CC-AA-A.C.GG---A-GA.-A	401
most-likely	.GACA.....AC.AATC.TCTATATATAAATA.....TATATAT.AGA.TATATATA.	379
HPV19	---CAG..GT-T.T--A.-A-----T-----T-----	418
HPV25	---C....GGTG-GT-A-C---T-----T-----	420
HPV20	..G-C....G.TGAT..A-----T-----T-----	441
HPV21	..C.....T-C--A-ACC---T-----T-----	438
HPV14d	..C.....T.-CATA---G---T-----T-----	429
HPV5	..TAT.....C.-TG-A.ATA---CC-----G---C---A--A-	430
HPV36	..TAT.....CA.TG-GAATA---CT.G-----G---A--A--A-	428
HPV47	..TACCTTACCT--.G-A.-T-T.---T-----A--A--A----	436
HPV12	..TATCA...T--T-AT---G---T-----A--A--A--A----	419
HPV8	GAT-C.....C-AT-G---TAT-----A--A--A-----	411
HPV24	.AG--AC...T--TT--A-TACCTA-C--G-----T-TC--..C.ACCG-T-CC	347
HPV15	.A-----A-C-T-----G-ACC-CC-GCG-TACT	337
HPV17	.A-----T---C.TC-----G-GACC-CC-TCG-TACC	335
HPV37	.A-----T-C-TC-----C-G-ACC-CC-GCG-TA-C	336
HPV9	.A-----AC---C-C-TT-T-----C---GACC-CC-TCG-TA-T	333
HPV22	.A-----CTGCC-G-----C-----	322
HPV23	.A-----A-AAGCCA---C---GC-ACC-CT-G-GGTA..	337
HPV38	.A-----C---A-ACGTA---CGG-----C-AGC-ACC-CT-G-GGTA..	343
HPV49	.A-----T-GA...-C-G-T-----C-G-ACC-CT-GCG..GC.	379
CgPV2	..-T-AT.....-CG.GTC---A-C-----T-----	465
HPV4	..-A-----T.-G-T---G-C-G---TG-TAGTTGGCA.ACAATCAT--CT---C-----A	505
HPV65	..-A-----T.-G-T---T---T---GATAGTTGGCAACAACCATC--C-A---T.A-----A	479
HPV48	.A-T.....T.TG-TGG-A.-CA-C.G-G.....C--A--AC.-TAGG-ACC	408
HPV50	.TCT.....T---A.GT-GCCA-C--T--T-----G-C---G-CG-GACA	454
HPV60	.T---CT...G-T.TG-TGG-A.-C---C-T-----A--C-A-A-A-A-----GA	447

LCR SuperGroup B Nuc-Aln

most-likelyTATATATATATAT.ATATAT.....AGAGTG.ATACATATTGTA..AG..ATG.....	421
HPV19-----AC.AC-C-CA-.....-T---C-GCT-C.-AA.....	467
HPV25-----T-----.....-T-CAC.G--G-C-C--C-GC-TT.-G-A.....	467
HPV20-----T-TA-.....-A-AC.....-ATCATAGAGCTAATG	497
HPV21-----TC-TAT.....-C-AGGGA-----CCCT.....	486
HPV14d-----C...T-C-AAA-A--G-...-A-.T-C.-GA.....	472
HPV5-----AG-G-C..TA---T---GGTTC-TC-----TC.-G.....	476
HPV36-A-----GCTTCAA--GT-..GGGTT-T--A-TA-TTA-G.....	477
HPV47-A--G-G---T---T-C-...C-GC-C.-GTTT-T-GCA-TT-TT.-A.....	482
HPV12-----ATGTA.TA--GC-T.GGTTC-T---C...T..G--ATTG.....	469
HPV8-----G-...CA--GCTG...T-C-T.G-G--AT--C..CT..-A.....	451
HPV24	G..TA-CAC-G-GA--G-..-T---...T--T-..G-----AAA-...-G.-A-ACA.....	395
HPV15	TT..AT-TA--C--C---CA---GC...T---...A---...G---GC.....	382
HPV17T--A--.G--C--C---C-AT...AT--A..GCT-T--C-...-GC.....	377
HPV37T--C--.G--C--A---A---...AT---...-GCA--C-TA-G.--A.--A.....	380
HPV9	AA.GCT-----G-C--A-----...-AG--.GCC.....	365
HPV22-T---.....	322
HPV23-T---.....	343
HPV38-A-A.-GA--TA.-A-A-A...A-A-CAA.GG-T-----...GG-CCTGTAAGCT...	394
HPV49-G--C.-T-C-T---TCT-G...G-A--A...-----G...C...GAC.....	417
CgPV2-----A--A-----.....	477
HPV4	CC..GGA-G-G---C---...-A-A-GG...G-C---C--TTC--C-AA-TCCT..G-C.....	556
HPV65	CC..GGA-G-G---C---...-A-A-GA...C-C-T--T--T-C-GA-AA-TCCC...-C.....	530
HPV48	GA.GACAG---C---A---CTGCT.GA-C---...-G-T.-TC-.C...-A.....	455
HPV50	ACCGAC--CGG.-GC---...-A-AGAG...CT--TCA.GC---G---TG-...-G.-GA.....	504
HPV60	CC..AGA-G-GG-----...-A---G...CT--AC.G-T-G--...A-.CT..T-A.....	491
most-likelyCA.C	424
HPV19-T.T	470
HPV25-T.T	470
HPV20	CAGAGAGTGCAGG--.-	513
HPV21AGTA-T.-	493
HPV14d-T.-	475
HPV5C.A	478
HPV36-A	480
HPV47ACAA	486
HPV12GGA--.A	475
HPV8-A	454
HPV24TCTT.G	400
HPV15T-.T	385
HPV17-T	379
HPV37T	381
HPV9	365
HPV22	322
HPV23	343
HPV38	...TGGGATGTATT.-	406
HPV49-.-	419
CgPV2	477
HPV4-G	559
HPV65-G	533
HPV48-T.G	458
HPV50-T.G	507
HPV60G.G	493

LCR SuperGroups C-E Nuc-Aln

GroupC2.con	AGGACACTGTTTTGGCATATTAAGCACTTTGTTAATGAATAAAAACTGTTG??????T?C?A??T?T?A	57
OvPV1	-----GACACTG-C-T-GCA-A-T-	21
OvPV2	-----ATTTAAT-G-A-ATG-G-C-	71
HPV41	AC-A-TTGCTGG-ATTGTGG-GCG-TGTCC-CGACGGTCCATGTGT-ATC-TATAATCACTTGGTCAGTCC-	72
GroupE1.con	ATATACATGTGAATGTTGAATTATATAATGTGAATTGTGAATTCTTGACTTTGGCACTTGCACCTTATTCTT	72
HPV63	-----	72
GroupC2.con	?G??C??TGT??A?A????A?????C????TA????A?AAA??G?C??GTC?GC?G?????A?CA??C?????	84
OvPV1	A-CA-TT---TA-T-AATA-AAACTG-ATT--ATT-T---TGT-T-AT---C--T-TCTAC-C--CA-CCGGT	94
OvPV2	T-TC-GC---CT-C-CCAC-CCCGGT-TGG--TGC-C---ATA-C-CC---A--A-CTATA-A---GC-TGCAG	144
HPV41	G-GTACACCACCTCC-TTATCTATTTA-TTTCGCATGTATTTCTGTATGTTT-T-TATGGGTT-TGAATGTG	145
GroupE1.con	GGCATACTGATACTTGAAA??T?T??AT??T?A??T????????????????TT?TTA??A??T???	106
HPV1a	TA-A-ATT--ATA-A-CTA-ATTTATTAGTAGATTAT--A---TAT-TTT--AT	54
HPV63	-----CT-G-TCA--GCT-G-AGG-TACACACCTGTACAGTA--G---ATA-ACG--TA	145
GroupC2.con	CTGG??????A??A?AA??A??G?C??TG?C??C?AGCT?T??AAA?AGGGTCGTGTGCA?AGCACCG???	127
OvPV1	-----T-TGC-C---ATA--TC--T-AG-----A---C-----T-----CT	155
OvPV2	---CGCCTTA-AAT-A--TCC-GAC--CT--A-GC-----G-GGA---A-----C-----TA	217
HPV41	T-AATAAAATATGTTGGT-ACGCTGT--ACG-GTTTGT-ACGTTC-TGTCCTCA-GA-T--GCACC-CTGTAT	218
GroupE1.con	???T????C?T??T????T??T??AGT??T?A??T??A??A??A????????T??T??T??T??G??AT???	126
HPV1a	ATT-TTATA-T---TATAC-TG-TT---TC-A-A-AGAC-TGT-AGATTACAT-AGTA-AAGTA-GC--GTA	127
HPV63	TGC-GCTGT-A---ACCTG-CT-CG---CA-T-T-GCCT-GTC-TATAGCCTCA-GACT-GGCAT-CA--TGG	218
GroupC2.con	?GCGGT?T?A?????A?CC?????A?C?????G?TC????C?G????A??A?TC?C????C?C?C?C	155
OvPV1	G-----T-A-GAGTTCA-C--ACGCAGA-C-GTCTCCG-T--TGT-T-CT---GCA-A--C-A...-G-A-A-	225
OvPV2	A-----G-G-AGAATC-G--CACGCAG-A-CGTCTC-G--...-A-AC---TAG-G--T-GTCC-A-G-G-	287
HPV41	TC-C-CCGCCCGGGGATCGCAGAT-TAATCCCCAAAC-CAAAGCGTTCCAAC-T.TGGCAAA-GTCTCT	290
GroupE1.con	T?T????A?ATA?T????A????T?T?TA?????????????????????..?A????CA???	141
HPV1a	-T-ACATA-A---G-CTTGA-ACC-TT-AT--GTGAACCATCATTACAATAGTGAC.ATC-TAGTT--TCT	199
HPV63	-A-GTGGC-G---C-TCAAAC-GGA-AC-GG--TCCTTTTTGGCGCGCGCGAATTT.TGA-GTTAC--CTG	290
GroupC2.con	???G?G?G??T????G??G??T????T?A????C?G??T?G?T??T??G??A?A?TT????T??T??	179
OvPV1	CGG-A-C-GTC-CCGTCG---TCT-AAAAT-GA-GCAC-G-AT-CG-T-CAT-GAG-TA-G-T--..AG---	295
OvPV2	ACC-G-A-CGG-ATCGTC---GTC-TGGGA-TG-AGCA-C-GC-GC-G-TCA-TGA-GT-A-A--CAGCT---	360
HPV41	GGCCCCGATACAACACTGAAAC-GTC-GTCTTCC-ATAG-CCCA-CT-GCGGGGATTCAACTGAAACGGTG-G-	363
GroupE1.con	???????T?TTC????????T?????????C????G??TC??TA?????A??C?A??T??T???	157
HPV1a	GCAATTGC-A---CATCGTTCT-CACATATTCTA-AGTA-TGT--TC--GATTGT-TTG-T-TTT-CC-GTTA	272
HPV63	TTCCAAC-T---TGAGACGTC-GGATCTGATCC-GACC-CTG--GT--CTGCCA-AGA-G-AAG-GG-AGGC	363
GroupC2.con	TT?TTT?CGGAAATCAATAGGAAAAG?AATAGGAA????AA????T?T??T?T?AA??C????GT???	224
OvPV1	--T--C-----A-----C-----AAGC--ACAC-TA---TG-T--ATG-TCAA--TCAC-	368
OvPV2	--C---G-----A-----GCTA--CACT-AG---GT-A--GGT-CTGG--CACG-C	433
HPV41	ACTGCCAA-T--CATT-T-TT-TT-G--CGCCTCCGGTGTCTGGCGAAGCGCAAGGATTTAGGC-CGAAG-C	436
GroupE1.con	G?AA?C????????T????G?C?A????A??C?CTTT??T??T????G?T????T????C??AT???	181
HPV1a	-GC--A-AACAACATC-GTA-AT--A-C-AACA-CC-A---CAT--TATTGT-C-GCATA-ATTC-AG--TG	345
HPV63	-CG--C-GTTTGTGGT-TCC-TG--G-T-GCAG-AA-T---AGG--GCGACC-T-TTCGG-CGGC-CA--AA	436
GroupC2.con	C????????TTT??T?AACCACAGTACCTTTTC?CG?TTAGGTTTCA?TA?CGCT?ACGGT?CT?GCT?CTT	276
OvPV1	-CGTCTGCG---CAT-AA-----A--G-----A--T---G---G--T---A---	441
OvPV2	-GTCTGCGA---TGC-TC-----G-A-----T--C-----A--C---G---	506
HPV41	AGTTTTATTGCCAAAACCTTTTGGTTGCTGCCAATA-CAGGC--GGTCTC-A--AATT--T-G-GCAATAGG	509
GroupE1.con	T?????????T?T??T??T??C??T????????????????T????T????G????T????TTG?	195
HPV1a	-TGAGATTTATT-GT--AGACT-CGG-GCATTATACACAAG-GTGCA-TTTT-TGTTT-CTGAT-GA---T	418
HPV63	-CTCTTTCGATCG-TG--GTTAA-AAC-ATCAGGCGATTCTC-AGTTC-AACAC-AACGT-TACGG-CG---C	509
GroupC2.con	TTCTAAACTGCTCCCCATTGGTTGGT?C?G?GAATTACTAAGTCT?CTT?CTCTGATTGCT?GA?????	336
OvPV1	-----T-A-T-----C--G-----A--TCTTCTA	514
OvPV2	-----G-T-G-----G--A-----T--AT....	574
HPV41	-ATGT-C-ATGTTATG-ACAA-CATAATCATCGCCCTT-CGTGTTATT-CTTGTAACGAAT-C-TTACAAAA	582
GroupE1.con	??G?T?TTT?C?T??AA?A?C????????????CT?T????C??TTGTTAATCCCTCCCTACTCCAATAA	237
HPV1a	GT-T-A---T-C-GC--T-TG-AATAAAAGTGAG--G-CCTTT-TT-----	491
HPV63	CA-C-T--C-T-AT--A-CT-TGGTGGGAATTT--C-TGGGA-AG	555
GroupC2.con	????CT??CT?C?TG????T?ATT??T?T?A?AG??T?TT?TT?TA??A?AT?AT???????????	362
OvPV1	CGGTG--GTA--A-TC--CACAG-A--TT-T-CT-G--ATGA--G--GT--ACA--A--AACACCATAGCCG	587
OvPV2	...C--...-G-GG--T...T-T--AC-C-GC-C--TAAT--T--TC--GAG--G--TGTT.....	628
HPV41	CACACACACAG-ATATAAGATAGAGGAACCGGA-TGGT-CACCACAG	628
GroupE1.con	AAAATCCCTACCCTAAAATCTGTTTGTGCTGGTTTTTATTAATAATGCGCTCTTTTATATAAATAAGTACTAT	310
HPV1a	-----	564
GroupC2.con	?T?A?AA?AAGCGGGAAAGTGTTTTTTCAAGCCCTATAA	396
OvPV1	T-AT-G--A-----	626
OvPV2	G-TA-C--T--	639
GroupE1.con	TAACACCGCACCGTTGTGGCTAATCCCTTATGGTATTTAAAAGACTACACCTACAGGATGTATTGTCTTCAT	383
HPV1a	-----	637

LCR SuperGroups C-E Nuc-Aln

GroupE1 . con	TGTTTATGGTTTACCGCGCTCCAAAGACGGTTTGCCCAAAGACGGTTTGCCAACCGCGGTTAGGACTTGTTTC	456
HPV1a	-----	710
GroupE1 . con	AATTTGCTGCCAAACTTATCTGGTCGTGCTCCAACGGGTTTGGTGCCAAGCACCTAAAACGGTAGGTGTGTAC	529
HPV1a	-----	783
GroupE1 . con	TCTTTTCAAGAATTAACAAAGGAGATTTCTCCCGCCAAATTAGTTTCGAGCGACCGAATTCGGTCGTAAAAAT	602
HPV1a	-----	856
GroupE1 . con	CTAAAGTGATGATTGTTGTTGTTAACTACCATCATTATTCTAGTTACAACAAGAACCTAGGAGTTATAT	675
HPV1a	-----	929
GroupE1 . con	GCCAGAAGTAAGCCTATAAAATACACAGGTAAGACTCTGCACAGGACCAG	725
HPV1a	-----	979